

Group 2

- **SEQ 1 from 54-05A application (10/613,053) against SEQ 87 (nucleotides 164,311-174,022) from Brown Patent No. 2 (7,314,971)**

Score = 1.506e+04 bits (7830), Expect = 0.0
 Identities = 7849/7856 (99%), Gaps = 1/7856 (0%)
 Strand=Plus/Minus

Query	699	AGATCTATGTAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACCCAGATTATGAAAATTATCCATAA	758
Sbjct	9712	AGATCTATGTAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACCCAGATTATGAAAATTATCCATAA	9653
Query	759	ATTTATATAAATTTTATGAATAATTTATCATTATTATGGGTAAATTTTCATAAATATGAAAG	818
Sbjct	9652	ATTTATATAAATTTTATGAATAATTTATCATTATTATGGGTAAATTTTCATAAATATGAAAG	9593
Query	819	TTTCTTTTATGGGTCAAATGTATAATTTATTCGGATTCTGGATTACCCAAGGGTTCGG	878
Sbjct	9592	TTTCTTTTATGGGTCAAATGTATAATTTATTCGGATTCTGGATTACCCAAGGGTTCGG	9533
Query	879	GATTTACCCAAGGATTCAGATTAGGATTTCATGGTTTAGAGTTTAGGAGTTTATGTTTA	938
Sbjct	9532	GATTTACCCAAGGATTCAGATTAGGATTTCATGGTTTAGAGTTTAGGAGTTTATGTTTA	9473
Query	939	GTGTTTGTGTGATGATTTTAAATATTTAAGATAAGAAGTTTATGCGAGAGAATTTGGTCA	998
Sbjct	9472	GTGTTTGTGTGATGATTTTAAATATTTAAGATAAGAAGTTTATGCGAGAGAATTTGGTCA	9413
Query	999	AATCAGGTTGAGTCTTAACCTCTTAAGACATAAAAAATCAGTAGATACTTGACATGGAGG	1058
Sbjct	9412	AATCAGGTTGAGTCTTAACCTCTTAAGACATAAAAAATCAGTAGATACTTGACATGGAGG	9353
Query	1059	CACCAAAATATCCTATATTTTTTGGACTTAATCTTGGGTACCCCTAGAGTAACCTTAA	1118
Sbjct	9352	CACCAAAATATCCTATATTTTTTGGACTTAATCTTGGGTACCCCTAGAGTAACCTTAA	9293
Query	1119	GGTTCACCAACCAATAGAAATCACTCATTTCACAGTTGATATCTTTAAAAAAGTAAACA	1178
Sbjct	9292	GGTTCACCAACCAATAGAAATCACTCATTTCACAGTTGATATCTTTAAAAAAGTAAACA	9233
Query	1179	AAATATTGTGCGAGTTATATTACATTTTTAAAAATAAAAAATATAAAAATAAAAAATAA	1238
Sbjct	9232	AAATATTGTGCGAGTTATATTACATTTTTAAAAATAAAAAATATAAAAATAAAAAATAA	9173
Query	1239	TATATGCAAAAAAAGAGATTTTTTAAAAAGATTTTAAATTCGTCACAAAAACACTAAACT	1298
Sbjct	9172	TATATGCAAAAAAAGAGATTTTTTAAAAAGATTTTAAATTCGTCACAAAAACACTAAACT	9113
Query	1299	CTAAACTCTAAATCCTAAACCCCTGGATAAAATACTAAACCCCTAAATTA AAAACATTAAAC	1358
Sbjct	9112	CTAAACTCTAAATCCTAAACCCCTGGATAAAATACTAAACCCCTAAATTA AAAACATTAAAC	9053

Group 2

Query	1359	CATAATAGTATTTTAAAGATTAAATGTTTGTAGTGTTTAGTGTTTTGATTAGAAATTTAG	1418
Sbjct	9052	CATAATAGTATTTTAAAGATTAAATGTTTGTAGTGTTTAGTGTTTTGATTAGAAATTTAG	8993
Query	1419	GATTATCCAAGTGTTTATGATTATCCAAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGG	1478
Sbjct	8992	GATTATCCAAGTGTTTATGATTATCCAAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGG	8933
Query	1479	TTTAGAGTTTAAATATCAAGGGTCTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATT	1538
Sbjct	8932	TTTAGAGTTTAAATATCAAGGGTCTATGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATT	8873
Query	1539	TAGGGTTTAGGGTTTGAATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAGTTTAAATATCAAGGGTT	1598
Sbjct	8872	TAGGGTTTAGGGTTTGAATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAGTTTAAATATCAAGGGTT	8813
Query	1599	TAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAAGTTAGTGTTTTTGA	1658
Sbjct	8812	TAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAAGTTAGTGTTTTTGA	8753
Query	1659	CGATATTAATAATAGTTTCAAAAAATCATTTTTGTAAACGGCTATTATTTTTTTTTAT	1718
Sbjct	8752	CGATATTAATAATAGTTTCAAAAAATCATTTTTGTAAACGGCTATTATTTTTTTTTAT	8693
Query	1719	ATTTTATTTATTTTAAAAACATAATATAAAGTGAACAATATTTCTTTCTTTTAAAAA	1778
Sbjct	8692	ATTTTATTTATTTTAAAAACATAATATAAAGTGAACAATATTTCTTTCTTTTAAAAA	8633
Query	1779	AATATTAATTATGAATACTTGATTCCCTATTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTCACTCTAG	1838
Sbjct	8632	AATATTAATTATGAATACTTGATTCCCTATTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTCACTCTAG	8573
Query	1839	GGGTGAACCTAAGGATAACTCTATTTTTGGGGTGAATAGCACTATAGCGGATATCTTT	1898
Sbjct	8572	GGGTGAACCTAAGGATAACTCTATTTTTGGGGTGAATAGCACTATAGCGGATATCTTT	8513
Query	1899	TTCAATAGATTATAAGCACGGCTCTACCTATGACTAATCAAGAACTTGGGATGATTGGAA	1958
Sbjct	8512	TTCAATAGATTATAAGCACGGCTCTACCTATGACTAATCAAGAACTTGGGATGATTGGAA	8453
Query	1959	ATCTGCAGGTTGTACTCAATATGGGATTATATTGGTTCTAACAAGTAGATATGATCCCTTG	2018
Sbjct	8452	ATCTGCAGGTTGTACTCAATATGGGATTATATTGGTTCTAACAAGTAGATATGATCCCTTG	8393
Query	2019	AAAATTAAAGTTATTAGATCAGTTCATCGTGAAAGGTGAGGGTTTGTCAATTTATTAAC	2078
Sbjct	8392	AAAATTAAAGTTATTAGATCAGTTCATCGTGAAAGGTGAGGGTTTGTCAATTTATTAAC	8333
Query	2079	AAATTTGTCAATTCATTAAACAATTTTGTCAATTTTATAAACAATGAAAAATTAAACGAATG	2138
Sbjct	8332	AAATTTGTCAATTCATTAAACAATTTTGTCAATTTTATAAACAATGAAAAATTAAACGAATG	8273

Group 2

Query	2139	CACTTTGCTGCCAGATCCCAATTGTCATTTTATTTTGGGAAAAAATGTAGCATTTTCG	2198
Sbjct	8272	CACTTTGCTGCCAGATCCCAATTGTCATTTTATTTTGGGAAAAAATGTAGCATTTTCG	8213
Query	2199	TGAGTGTTCCTATTTTGGCAAAAACAAAAAGTGTGAGATCAATTTTGACCAAAAAA	2258
Sbjct	8212	TGAGTGTTCCTATTTTGGCAAAAACAAAAAGTGTGAGATCAATTTTGACCAAAAAA	8153
Query	2259	TGTAAGATTCCAGTAGGTTTCCAAATTTATTAAATTTACCCAACTATATTAATAATTAAT	2318
Sbjct	8152	TGTAAGATTCCAGTAGGTTTCCAAATTTATTAAATTTACCCAACTATATTAATAATTAAT	8093
Query	2319	GTAGACAAATTTGTTTCTGCCATTTTGGCAAAAAATGAAGGATCTATGAAGGTTTCCA	2378
Sbjct	8092	GTAGACAAATTTGTTTCTGCCATTTTGGCAAAAAATGAAGGATCTATGAAGGTTTCCA	8033
Query	2379	AGTTTATTAAATTTACTCAGATTTATGATAATTATCCATAAATTTACATAATTTTATGAA	2438
Sbjct	8032	AGTTTATTAAATTTACTCAGATTTATGATAATTATCCATAAATTTACATAATTTTATGAA	7973
Query	2439	TTATCATTATTTGGGTAGATTTTCATAAATATGAAAGTTTCTTTTATGAGTCAAAATGTA	2498
Sbjct	7972	TTATCATTATTTGGGTAGATTTTCATAAATATGAAAGTTTCTTTTATGAGTCAAAATGTA	7913
Query	2499	TAATTTTATGGGTAACTTTTCATAAATTTAGAAATTTACATCGATTTTATATTAATTCGTA	2558
Sbjct	7912	TAATTTTATGGGTAACTTTTCATAAATTTAGAAATTTACATCGATTTTATATTAATTCGTA	7853
Query	2559	TAGATTTATGTTGACTTTATATATGAAAAAATATGTATTATATTAAGAGTAGTTGCTCAT	2618
Sbjct	7852	TAGATTTATGTTGACTTTATATATGAAAAAATATGTATTATATTAAGAGTAGTTGCTCAT	7793
Query	2619	ATATGATTTTTAAATATTAATATGATCCAAAAGTTTAATGAATAAAGATGTTTATGGA	2678
Sbjct	7792	ATATGATTTTTAAATATTAATATGATCCAAAAGTTTAATGAATAAAGATGTTTATGGG	7733
Query	2679	ATTTACAAAAGTTAGTTGTTAAAAGTTAGTGGGAAAAAATTTATTTTATAGGCAAAAGT	2738
Sbjct	7732	ATTTACAAAAGTTAGTTGTTAAAAGTTAGTGGGAAAAAATTTATTTTATAGGCAAAAGT	7673
Query	2739	GGATTTTGGGTCCCACGAAATTACTTTCCAACTTGCCAAAGTTTAATAGGCAAAAAGGTT	2798
Sbjct	7672	GGATTTTGGGTCCCACGAAATTACTTTCCAACTTGCCAAAGTTTAATAGGCAAAAAGGTT	7613
Query	2799	AAAAATGTCATAAATTTATCTCTCTCTACTAGGTTGCCCAATTGCCTAATATAAAGTTG	2858
Sbjct	7612	AAAAATGTCATAAATTTATCTCTCTCTACTAGGTTGCCCAATTGCCTAATATAAAGTTG	7553
Query	2859	AGGTGGCCTATTTTCTAATTCAAACCTAAAAGTTGCCCTTTCCCTAATTGACCCATAA	2918
Sbjct	7552	AGGTGGCCTATTTTCTAATTCAAACCTAAAAGTTGCCCTTTCCCTAATTGACCCATAA	7493

Group 2

Query	2919	AAGAATGAAAGACATTTTCTTTTCCAAATTACAAATCCCTAGATAATTTTATTTTGTAGG	2978
Sbjct	7492	AAGAATGAAAGACATTTTCTTTTCCAAATTACAAATCCCTAGATAATTTTATTTTGTAGG	7433
Query	2979	TGCATTCCATCGGTTATGATTACAGAATAGCTACGCTTCTCTATTGATTCTTATTGCGCC	3038
Sbjct	7432	TGCATTCCATCGGTTATGATTACAGAATAGCTACGCTTCTCTATTGATTCTTATTGCGCC	7373
Query	3039	GTTGGTGACGTTTTCCATGGAATCAAGTAGTGTATATCTCCTATCACTAACAACATATT	3098
Sbjct	7372	GTTGGTGACGTTTTCCATGGAATCAAGTAGTGTATATCTCCTATCACTAACAACATATT	7313
Query	3099	CATAGATTTTGTTTATCACTTGTCTGTGTTCTCGATCATATACTTGACTCAGTTTCTGT	3158
Sbjct	7312	CATAGATTTTGTTTATCACTTGTCTGTGTTCTCGATCATATACTTGACTCAGTTTCTGT	7253
Query	3159	GATTTTCATCAAGTTTTGAGAACAGAAGAAGCAAAAAGAAAACGAGCAGAGCTGCTCTT	3218
Sbjct	7252	GATTTTCATCAAGTTTTGAGAACAGAAGAAGCAAAAAGAAAACGAGCAGAGCTGCTCTT	7193
Query	3219	ACAATGTTTTAACCCTGAGTGATAAAATTTATTTACATAAAAGTATTTTAAAAATAGATTT	3278
Sbjct	7192	ACAATGTTTTAACCCTGAGTGATAAAATTTATTTACATAAAAGTATTTTAAAAATAGATTT	7133
Query	3279	AATCAACCAATTTAATATATTATTTATATTAGTTCATTTTTTTTGACATCTTTTATA	3338
Sbjct	7132	AATCAACCAATTTAATATATTATTTATATTAGTTCATTTTTTTTGACATCTTTTATA	7073
Query	3339	TTTAGTTTGAACACCTCTATTTGAGTACAACATAGATTATAATGATAAAATTTATAAAAT	3398
Sbjct	7072	TTTAGTTTGAACACCTCTATTTGAGTACAACATAGATTATAATGATAAAATTTATAAAAT	7013
Query	3399	AGCATAAATTTTTATTTTCATTTGTTTATGATAAAATTTCTAAATAACAATAATTATAATA	3458
Sbjct	7012	AGCATAAATTTTTATTTTCATTTGTTTATGATAAAATTTCTAAATAACAATAATTATAATA	6953
Query	3459	TTATTATATTACTAATTGCAAAAATTAATTAATACATTATTTTATAATAAATATTAAAA	3518
Sbjct	6952	TTATTATATTACTAATTGCAAAAATTAATTAATACATTATTTTATAATAAATATTAAAA	6893
Query	3519	CGTGGGTAGGATTTTGTAGATTTTTTTCAACAAATTTTGTATAGCTAAAATAAAAT	3578
Sbjct	6892	CGTGGGTAGGATTTTGTAGATTTTTTTCAACAAATTTTGTATAGCTAAAATAAAAT	6833
Query	3579	CAAAATGATTTGTTAAAAATTGATTTTTTTTTTTTGTATTATTAAGATTTAATATAAATAA	3638
Sbjct	6832	CAAAATGATTTGTTAAAAATTGATTTTTTTTTTTTGTATTATTAAGATTTAATATAAATAA	6773
Query	3639	ACATATATGTCATATTAAATATTTAACTAAGTGGTCCTAATCTTTGAAGTAGGGGTGGGC	3698
Sbjct	6772	ACATATATGTCATATTAAATATTTAACTAAGTGGTCCTAATCTTTGAAGTAGGGGTGGGC	6713

Group 2

Query	3699	GTTCCGGGTACCTATTCGGGTTTCGGTTCGAGTCTATTTCGGATTTCGGATTTTGGGGTCA	3758
Sbjct	6712	GTTCCGGGTACCTATTCGGGTTTCGGTTCGAGTCTATTTCGGATTTCGGATTTTGGGGTCA	6653
Query	3759	AAGATTTTAGCCCCATTTCGGTTATTTCTAAATTACGGTTCGGGTTTCGGTTCGGATCCTTG	3818
Sbjct	6652	AAGATTTTAGCCCCATTTCGGTTATTTCTAAATTACGGTTCGGGTTTCGGTTCGGATCCTTG	6593
Query	3819	CGGATTCGGTTCGGGTTTCGGATAACCCGTTTAAATATTTTCAAAATTTTAAATTTTCAT	3878
Sbjct	6592	CGGATTCGGTTCGGGTTTCGGATAACCCGTTTAAATATTTTCAAAATTTTAAATTTTCAT	6533
Query	3879	TATATATTTTAACTTTTCGAAATTTGTAACAAAAATAATATATTACATATAAAATTTCAA	3938
Sbjct	6532	TATATATTTTAACTTTTCGAAATTTGTAACAAAAATAATATATTACATATAAAATTTCAA	6473
Query	3939	TAATATGTGTGCGAAGTACCAAACTTAACATGTAATTTGGTTTGATTGGATATTGGAT	3998
Sbjct	6472	TAATATGTGTGCGAAGTACCAAACTTAACATGTAATTTGGTTTGATTGGATATTGGAT	6413
Query	3999	AGAAATCAATCATATTTTATATATTTTGGTGTTTGGAGTATGCTTAACTATTATAC	4058
Sbjct	6412	AGAAATCAATCATATTTTATATATTTTGGTGTTTGGAGTATGCTTAACTATTATAC	6353
Query	4059	ATGTACTTTTTAAATGTTTTATATATTTCTAGTATTTTGAACAATTTAAAGTATTATA	4118
Sbjct	6352	ATGTACTTTTTAAATGTTTTATATATTTCTAGTATTTTGAACAATTTAAAGTATTATA	6293
Query	4119	TATATTTTAGATGCTTTTAAATATATATTCATCTAAAAATAGTTAAATATATATGTATA	4178
Sbjct	6292	TATATTTTAGATGCTTTTAAATATATATTCATCTAAAAATAGTTAAATATATATGTATA	6233
Query	4179	TTAATCTATTTTCGGATACATTCGGGATATCCAAAATATTTTGGTTTCGGATCGGGTTCGGTT	4238
Sbjct	6232	TTAATCTATTTTCGGATACATTCGGGATATCCAAAATATTTTGGTTTCGGATCGGGTTCGGTT	6173
Query	4239	TTGGTCTCTTAAATACCAAAATTTAAACCTATTCGGATATTCAAATTAATTTTCGGTTCGG	4298
Sbjct	6172	TTGGTCTCTTAAATACCAAAATTTAAACCTATTCGGATATTCAAATTAATTTTCGGTTCGG	6113
Query	4299	ATTTGGTATTACTTTTGCAGATCGGATTCGGTTCGGTTCCTTGGATTCAGTTTTTTTGTG	4358
Sbjct	6112	ATTTGGTATTACTTTTGCAGATCGGATTCGGTTCGGTTCCTTGGATTCAGTTTTTTTGTG	6053
Query	4359	CAGCCCTACTCTGAACAGTAGATAAAAAATAGAACCTTAATTAATAGGTTAGATTTTGG	4418
Sbjct	6052	CAGCCCTACTCTGAACAGTAGATAAAAAATAGAACCTTAATTAATAGGTTAGATTTTGG	5993
Query	4419	TTAGGTCTTCTCAATTAGTATGGAGATTCTCGATTCTCTCATTCGAGTGTGGTATGTC	4478
Sbjct	5992	TTAGGTCTTCTCAATTAGTATGGAGATTCTCGATTCTCTCATTCGAGTGTGGTATGTC	5933

Group 2

Query	4479	CAACTCATTGTTATGTACATATCCAATTTAGTTTTGAGTCAAAATGTTTAGTTACTTAAG	4538
Sbjct	5932	CAACTCATTGTTATGTACATATCCAATTTAGTTTTGAGTCAAAATGTTTAGTTACTTAAG	5873
Query	4539	AGTTGAATGAAATAGGGGATGATATTGATGGCCAAGGTTCTCCCAAGTAAATAA-CTTT	4597
Sbjct	5872	AGTTGAATGAAATAGGGGATGATATTGATGGCCAAGGTTCTCCCAAGTAAATAAACCTTT	5813
Query	4598	GTTTATATTTTAAAGTTAGCTTATAACATCAATAAAAAATGTCATTAACTGGTTCATAAAAA	4657
Sbjct	5812	GTTTATATTTTAAAGTTAGCTTATAACATCAATAAAAAATGTCATTAACTGGTTCATAAAAA	5753
Query	4658	ATGTCATTAACTGGTTCCTCTAATATAATTATTTAAACACACCTGGCTGTTGATAAAATTTT	4717
Sbjct	5752	ATGTCATTAACTGGTTCCTCTAATATAATTATTTAAACACACCTGGCTGTTGATAAAATTTT	5693
Query	4718	TATGATCGTTTAAATAATTTTAGAAGTGGATAGTCTGTAAATGGCTTTGATTGGTCGCTCT	4777
Sbjct	5692	TATGATCGTTTAAATAATTTTAGAAGTGGATAGTCTGTAAATGGCTTTGATTGGTCGCTCT	5633
Query	4778	TGATTTTTTAAAGTGGACTAAACAAGAAGGCTTAGTAATAAAATCTGAACCGGAACTCTA	4837
Sbjct	5632	TGATTTTTTAAAGTGGACTAAACAAGAAGGCTTAGTAATAAAATCTGAACCGGAACTCTA	5573
Query	4838	CTGGTTTCAATAGCTCGGTTTATCAATTTCTCTCGGCTCTGGGTTTAGTGAATCATGTGG	4897
Sbjct	5572	CTGGTTTCAATAGCTCGGTTTATCAATTTCTCTCGGCTCTGGGTTTAGTGAATCATGTGG	5513
Query	4898	CCCTGTGGGTTTAAACAAGGAACCTCAATCAATCAACTGGTGACAAATCTGAACCGGAAAT	4957
Sbjct	5512	CCCTGTGGGTTTAAACAAGGAACCTCAATCAATCAACTGGTGACAAATCTGAACCGGAAAT	5453
Query	4958	TGTATAAATCAAACCTGAACCGGTTCTTGTAACCAAAATGGAACCCGTTTGTACTTTATCT	5017
Sbjct	5452	TGTATAAATCAAACCTGAACCGGTTCTTGTAACCAAAATGGAACCCGTTTGTACTTTATCT	5393
Query	5018	CTCGTTTATTTTCTCAGTCACGAGTTTTTTTTAGAGATCGACGAAGAACAATAATTAGGC	5077
Sbjct	5392	CTCGTTTATTTTCTCAGTCACGAGTTTTTTTTAGAGATCGACGAAGAACAATAATTAGGC	5333
Query	5078	GAAACAAAAATAAAATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTCTCTCTCTCTGCTG	5137
Sbjct	5332	GAAACAAAAATAAAATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTCTCTCTCTCTGCTG	5273
Query	5138	AGTCTCGGGCTAGATTGTTCTGTACGAGATCGATTCTGTGATCTCTGGCCAAGGCAAGCG	5197
Sbjct	5272	AGTCTCGGGCTAGATTGTTCTGTACGAGATCGATTCTGTGATCTCTGGCCAAGGCAAGCG	5213
Query	5198	GAGAGAGTTGCGAAGCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAAGTGGGTTTCATG	5257
Sbjct	5212	GAGAGAGTTGCGAAGCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAAGTGGGTTTCATG	5153

Group 2

Query	5258	AAATCAAAGGTTAGAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCCTT	5317
Sbjct	5152	AAATCAAAGGTTAGAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCCTT	5093
Query	5318	TACCTTCTGTGGTTGATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAGAAATGGAACGCCCGG	5377
Sbjct	5092	TACCTTCTGTGGTTGATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAGAAATGGAACGCCCGG	5033
Query	5378	ATCTTGTGATTTCTCTCTATCAGAAGATGGAAGGAAACAGATTTCGATGTGATATATACA	5437
Sbjct	5032	ATCTTGTGATTTCTCTCTATCAGAAGATGGAAGGAAACAGATTTCGATGTGATATATACA	4973
Query	5438	GCTTCAATATTCTGATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCTTTGCTTTGTCTA	5497
Sbjct	4972	GCTTCAATATTCTGATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCTTTGCTTTGTCTA	4913
Query	5498	CATTGGTAAGATCACCAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACCACCCTGC	5557
Sbjct	4912	CATTGGTAAGATCACCAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACCACCCTGC	4853
Query	5558	TCCATTGGATTATGTGTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCATCAAAATGT	5617
Sbjct	4852	TCCATTGGATTATGTGTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCATCAAAATGT	4793
Query	5618	TTGAAACGACATGTAGGCCCAATGTCGTAACCTTCACCACCTTGATGAACGGTCTTTGCC	5677
Sbjct	4792	TTGAAACGACATGTAGGCCCAATGTCGTAACCTTCACCACCTTGATGAACGGTCTTTGCC	4733
Query	5678	GCGAGGGTAGAATTGTGGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGATGGTCTCC	5737
Sbjct	4732	GCGAGGGTAGAATTGTGGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGATGGTCTCC	4673
Query	5738	AGCCTACCCAGATTACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTG	5797
Sbjct	4672	AGCCTACCCAGATTACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTG	4613
Query	5798	TGCTCTGCACTGAATCTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCCAATGTTG	5857
Sbjct	4612	TGCTCTGCACTGAATCTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCCAATGTTG	4553
Query	5858	TAATCTATAGTGCAATCATTTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGATGCACAAA	5917
Sbjct	4552	TAATCTATAGTGCAATCATTTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGATGCACAAA	4493
Query	5918	ATCTTTTCTACTGAAATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTATTTACCTACAACAGTA	5977
Sbjct	4492	ATCTTTTCTACTGAAATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTATTTACCTACAACAGTA	4433
Query	5978	TGATAGTTGGTTTTTGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGAGCAGTTGTTGCAAGAAA	6037
Sbjct	4432	TGATAGTTGGTTTTTGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGAGCAGTTGTTGCAAGAAA	4373

Group 2

Query	6038	TGTTAGAAAGGAAGATCAGCCCTGATGTTGTAACCTATAATGCTTTGATCAATGCATTG	6097
Sbjct	4372	TGTTAGAAAGGAAGATCAGCCCTGATGTTGTAACCTATAATGCTTTGATCAATGCATTG	4313
Query	6098	TCAAGGAAGGCAAGTTCCTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTA	6157
Sbjct	4312	TCAAGGAAGGCAAGTTCCTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTA	4253
Query	6158	TAATCCCCTAATACAATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAACAGAAATCGTC	6217
Sbjct	4252	TAATCCCCTAATACAATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAACAGAAATCGTC	4193
Query	6218	TTGATGCTGCTGAGCACATGTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAA	6277
Sbjct	4192	TTGATGCTGCTGAGCACATGTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAA	4133
Query	6278	TCACCTTCAATACTCTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGG	6337
Sbjct	4132	TCACCTTCAATACTCTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGG	4073
Query	6338	AACCTTCCTCATGAGATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACACTTACACACATC	6397
Sbjct	4072	AACCTTCCTCATGAGATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACACTTACACACATC	4013
Query	6398	TTATTACCGGGTTCATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTACAAGAGA	6457
Sbjct	4012	TTATTACCGGGTTCATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTACAAGAGA	3953
Query	6458	TGATCTCTAGTGGTTTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCT	6517
Sbjct	3952	TGATCTCTAGTGGTTTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCT	3893
Query	6518	GCGATAATGGGAACTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAAGTTATGCAGAAGAGTAAGA	6577
Sbjct	3892	GCGATAATGGGAACTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAAGTTATGCAGAAGAGTAAGA	3833
Query	6578	AGGATCTTGATGCTAGTCACCCCTTCAATGGTGTTGGAACCTGATGTTCAAACCTTACAATA	6637
Sbjct	3832	AGGATCTTGATGCTAGTCACCCCTTCAATGGTGTTGGAACCTGATGTTCAAACCTTACAATA	3773
Query	6638	TATTGATCAGCGGCTTGATCAATGAAGGGAAGTTTTTAGAGGCCGAGGAATTATACGAGG	6697
Sbjct	3772	TATTGATCAGCGGCTTGATCAATGAAGGGAAGTTTTTAGAGGCCGAGGAATTATACGAGG	3713
Query	6698	AGATGCCCCACAGGGGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATCGATGGAT	6757
Sbjct	3712	AGATGCCCCACAGGGGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATCGATGGAT	3653
Query	6758	TATGCAAGCAGAGCCGCCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTTCGATGGGTAGCAAGA	6817
Sbjct	3652	TATGCAAGCAGAGCCGCCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTTCGATGGGTAGCAAGA	3593

Group 2

Query	6818	GCTTCTCTCCAAACGTAGTGACCTTTACTACACTCATTAAATGGCTACTGTAAGGCAGGAA	6877
Sbjct	3592	GCTTCTCTCCAAACGTAGTGACCTTTACTACACTCATTAAATGGCTACTGTAAGGCAGGAA	3533
Query	6878	GGGTGATGATGGGCTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTGGAAGAGGGATAGTTGCTAACG	6937
Sbjct	3532	GGGTGATGATGGGCTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTGGAAGAGGGATAGTTGCTAACG	3473
Query	6938	CAATTACTTACATCACTTTGATTGTTGGTTTTCTGTAAGATGGGTAATATTAATGGGGCTC	6997
Sbjct	3472	CAATTACTTACATCACTTTGATTGTTGGTTTTCTGTAAGATGGGTAATATTAATGGGGCTC	3413
Query	6998	TAGACATTTTCCAGGAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATACCATCCGCA	7057
Sbjct	3412	TAGACATTTTCCAGGAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATACCATCCGCA	3353
Query	7058	ATATGCTGACTGGTTTATGGAGTAAAGAGGAACATAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGA	7117
Sbjct	3352	ATATGCTGACTGGTTTATGGAGTAAAGAGGAACATAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGA	3293
Query	7118	AACGTCAGATGAGTATGGTATGTAAGTTTCTGTTCACTGCTATGTAATTTTTATATAAACA	7177
Sbjct	3292	AACGTCAGATGAGTATGGTATGTAAGTTTCTGTTCACTGCTATGTAATTTTTATATAAACA	3233
Query	7178	AGAAATGTATACATTCTTTTGTGTAGCTTCAGATTGATGATACACGTTCTGGAATTAAC	7237
Sbjct	3232	AGAAATGTATACATTCTTTTGTGTAGCTTCAGATTGATGATACACGTTCTGGAATTAAC	3173
Query	7238	CATTGGTTTGGTTTGCATTGTAGGATCTATCAATTTGGGGGATGAATGATCAAAGATTTT	7297
Sbjct	3172	CATTGGTTTGGTTTGCATTGTAGGATCTATCAATTTGGGGGATGAATGATCAAAGATTTT	3113
Query	7298	CTTCTGTTTGGCGCAGCAGAGCTTCAATGTCATTTTGTCTGCTGCTGCATGTATACCT	7357
Sbjct	3112	CTTCTGTTTGGCGCAGCAGAGCTTCAATGTCATTTTGTCTGCTGCTGCATGTATACCT	3053
Query	7358	ACTAATGTTTGATCAAAATCGTTGAATAGAGTGATCATAGTGAAAAATTGTGTGGTTAGTA	7417
Sbjct	3052	ACTAATGTTTGATCAAAATCGTTGAATAGAGTGATCATAGTGAAAAATTGTGTGGTTAGTA	2993
Query	7418	AGTTATTTTGTCTGCTATTTCTAATGACAGCCTTTTATGCGTCTATTGCTGGGCTTAATAA	7477
Sbjct	2992	AGTTATTTTGTCTGCTATTTCTAATGACAGCCTTTTATGCGTCTATTGCTGGGCTTAATAA	2933
Query	7478	ATTTGACCATTTCCTCAATTAATTCATACACTTGTTCACGCAAGATTATTGGTCTGAAC	7537
Sbjct	2932	ATTTGACCATTTCCTCAATTAATTCATACACTTGTTCACGCAAGATTATTGGTCTGAAC	2873
Query	7538	TAAAGAGGCACACCTTCCAGAAGATTTTCAAGTGTAAAAGATGTTTAGGTGTCTGCCCGT	7597
Sbjct	2872	TAAAGAGGCACACCTTCCAGAAGATTTTCAAGTGTAAAAGATGTTTAGGTGTCTGCCCGT	2813

Group 2

Query	7598	TCTGTAGCTGTACCATGGTTATCGTCAAGCTCGGTCCTTCATGAGAGCTGATAGCTGTGA	7657
Sbjct	2812	TCTGTAGCTGTACCATGGTTATCGTCAAGCTCGGTCCTTCATGAGAGCTGATAGCTGTGA	2753
Query	7658	TGCCATCTTCTCTCTCTTCTTCATATTGGCTCTGTCTGCTGCCCTTGTCTGCTCCCATGTGGG	7717
Sbjct	2752	TGCCATCTTCTCTCTCTTCTTCATATTGGCTCTGTCTGCTGCCCTTGTCTGCTCCCATGTGGG	2693
Query	7718	TTCAGGAGGAGATCATGTTCTTTTAACTTGGTGGAAATGTTGTTGTCGCTTATGCTTCT	7777
Sbjct	2692	TTCAGGAGGAGATCATGTTCTTTTAACTTGGTGGAAATGTTGTTGTCGCTTATGCTTCT	2633
Query	7778	CTGGTTCGCTCTTGACTTGCTTAGCTTCATTCTTTATCTCCAAATGCTATGAAATCAA	7837
Sbjct	2632	CTGGTTCGCTCTTGACTTGCTTAGCTTCATTCTTTATCTCCAAATGCTATGAAATCAA	2573
Query	7838	TTTACCATAAGTAGAATAAACTTGCAGATTCATTCTATTATGCTTAAGCTTTTGTTAAT	7897
Sbjct	2572	TTTACCATACGTAGAATAAACTTGCAGATTCATTCTATTATGCTTAAGCTTTTGTTAAT	2513
Query	7898	CAACAAAGAAACCAGAGACGAGAAATACAAACTCTATAAGCTTCTTTTTTCTTTCTTG	7957
Sbjct	2512	CAACAAAGAAACCAGAGACGAGAAATACAAACTCTATAAGCTTCTTTTTTCTTTCTTG	2453
Query	7958	ATAGTAAACCAGGTTAGAGAGTAGAGATTGATCATATGAACATAAAATCGACTAAAAAC	8017
Sbjct	2452	ATAGTAAACCAGGTTAGAGAGTAGAGATTGATCATATGAACATAAAATCGACTAAAAAC	2393
Query	8018	GGTTTGCTCCGACTTATAAACCGGAACCCACCGCTTTGTCATCTCTCTCTCAAAATCA	8077
Sbjct	2392	GGTTTGCTCCGACTTATAAACCGGAACCCACCGCTTTGTCATCTCTCTCTCAAAATCA	2333
Query	8078	CACAATGTCCAAGATGAAGAAGTATTTGTGTTGCATCTCTCTGGGTGAGGAGATGCAAA	8137
Sbjct	2332	CACAATGTCCAAGATGAAGAAGTATTTGTGTTGCATCTCTCTGGGTGAGGAGATGCAAA	2273
Query	8138	TGTTATATCTCAATTTGTTTTTCAGTGCTTGGTCTAACTTTTTTAAGAGATTACTCCAGTG	8197
Sbjct	2272	TGTTATATCTCAATTTGTTTTTCAGTGCTTGGTCTAACTTTTTTAAGAGATTACTCCAGTG	2213
Query	8198	GTTGGATCAAGAAAGAGTCAACATTGCATTGTGTAAGGTGACGAAAACAGAGTTAAAGT	8257
Sbjct	2212	GTTGGATCAAGAAAGAGTCAACATTGCATTGTGTAAGGTGACGAAAACAGAGTTAAAGT	2153
Query	8258	AAGTGAGAACAATACTTCAATGCTTTTCTTGTGACAACTGTGTAATCATCGCATTTGAA	8317
Sbjct	2152	AAGTGAGAACAATACTTCAATGCTTTTCTTGTGACAACTGTGTAATCATCGCATTTGAA	2093
Query	8318	TATATATGTATATGATGCTTATGATGAAGCTATGAGAAATAGGCAATAGGGTCTGTGTTA	8377
Sbjct	2092	TATATATGTATATGATGCTTATGATGAAGCTATGAGAAATAGGCAATAGGGTCTGTGTTA	2033

Group 2

```

Query 8378  TTTCCTGCGATTCTAGATTCTGATTGTTTTCTCTCTAATATTTAGATTAGGTGGTC 8437
           |||
Sbjct 2032  TTTCCTGCGATTCTAGATTCTGATTGTTTTCTCTCTAATATTTAGATTAGGTGGTC 1973

Query 8438  TTGCTTATCCTGTTTGTAGTATTAGAGTCGGAGTTTTGGGGATGAATCATCCCGGATGATA 8497
           |||
Sbjct 1972  TTGCTTATCCTGTTTGTAGTATTAGAGTCGGAGTTTTGGGGATGAATCATCCCGGATGATA 1913

Query 8498  TATACAATTTGTGATTTTATGAATTCAGTTTTTTAGTGGATAATGAACACGTTAAC 8553
           |||
Sbjct 1912  TATACAATTTGTGATTTTATGAATTCAGTTTTTTAGTGGATAATGAACACGTTAAC 1857
  
```

Score = 285 bits (148), Expect = 3e-72
 Identities = 192/209 (91%), Gaps = 5/209 (2%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 642  ATATTTAAGATAAATGTAGACAAATTTGTTCTCTCTACCATTTTGACAAAAAATGAAAGA 701
           |||
Sbjct 8107  ATATTTAATAATTAATGTAGACAAATTTGTT-TCCTGCCATTTTGGCAAAAAAATGAAGGA 8049

Query 702  TCTATGTAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACCCAGATTATGAAAATTATCCATAAAATT 761
           |||
Sbjct 8048  TCTATGAAGGTTTCCAAGTTTATTAAATTTACTCAGATTATGATAATTATCCATAAAATT 7989

Query 762  TATATAATTTTATGAATAATTTATCATTTATTTGGGTAAATTTTCATAAATATGAAAGTTT 821
           |||
Sbjct 7988  TACATAATTTTATGAA----TTATCATTTATTTGGGTAGATTTCATAAATATGAAAGTTT 7933

Query 822  CTTTTATGGGTCAAAATGTATAATTTATT 850
           |||
Sbjct 7932  CTTTTATGAGTCAAAATGTATAATTTATT 7904
  
```

Score = 187 bits (97), Expect = 1e-42
 Identities = 115/124 (92%), Gaps = 0/124 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 531  TTCAGATTCTGGATTACCCAATGGTTCTGGATTACCCAAGGGTTCCGGATTAGGATT 590
           |||
Sbjct 9562  TTCGGATTCTGGATTACCCAAGGGTTCCGGATTACCCAAGGATTCAGATTAGGATT 9503

Query 591  CAAGGTTTAGAGTTTAGGATTTTAGGTTTAGTGTGTTGTTGATGATTTTAAATTTAAG 650
           |||
Sbjct 9502  CATGGTTTAGAGTTTAGGAGTTTATGTTTAGTGTGTTGTTGATGATTTTAAATTTAAG 9443

Query 651  ATAA 654
           |||
Sbjct 9442  ATAA 9439
  
```


Group 2

Query	121	GCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAGTGGGTTTCATGAAATCAAAGGTTTA	180
Sbjct	5198	GCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAGTGGGTTTCATGAAATCAAAGGTTTA	5139
Query	181	GAGGATGCGATTGATTGTTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCTTACCTTCTGTGGTT	240
Sbjct	5138	GAGGATGCGATTGATTGTTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCTTACCTTCTGTGGTT	5079
Query	241	GATTTCGTAAATTTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAACGCCCGGATCTTGTGATTCT	300
Sbjct	5078	GATTTCGTAAATTTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAACGCCCGGATCTTGTGATTCT	5019
Query	301	CTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTCGATGTGATATATACAGCTTCAATATTCTG	360
Sbjct	5018	CTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTCGATGTGATATATACAGCTTCAATATTCTG	4959
Query	361	ATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCTTTGCTTTGTCTACATTGGTAAGATC	420
Sbjct	4958	ATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCTTTGCTTTGTCTACATTGGTAAGATC	4899
Query	421	ACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTACCACCCTGCTCCATGGATTATGT	480
Sbjct	4898	ACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTACCACCCTGCTCCATGGATTATGT	4839
Query	481	GTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCATCAAATGTTTGAACGACATGT	540
Sbjct	4838	GTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCATCAAATGTTTGAACGACATGT	4779
Query	541	AGGCCCAATGTCGTAACCTTACCACCTTGTATGAACGGTCTTTGCCGCGAGGGTAGAATT	600
Sbjct	4778	AGGCCCAATGTCGTAACCTTACCACCTTGTATGAACGGTCTTTGCCGCGAGGGTAGAATT	4719
Query	601	GTCGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGATGGTCTCCAGCCTACCCAGATT	660
Sbjct	4718	GTCGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGATGGTCTCCAGCCTACCCAGATT	4659
Query	661	ACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTGTGTCTGCACCTGAAT	720
Sbjct	4658	ACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTGTGTCTGCACCTGAAT	4599
Query	721	CTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCCAATGTTGTAATCTATAGTGCA	780
Sbjct	4598	CTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCCAATGTTGTAATCTATAGTGCA	4539
Query	781	ATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTATAGCGATGCACAAAATCTTTTCTACTGAA	840
Sbjct	4538	ATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTATAGCGATGCACAAAATCTTTTCTACTGAA	4479
Query	841	ATGCAAGAGAAAGGAATCTTCCCGATTATTATTACCTACAACAGTATGATAGTTGGTTTT	900
Sbjct	4478	ATGCAAGAGAAAGGAATCTTCCCGATTATTATTACCTACAACAGTATGATAGTTGGTTTT	4419

Group 2

Query	901	TGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTGCAAGAAATGTTAGAAAGGAAG	960
Sbjct	4418	TGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTGCAAGAAATGTTAGAAAGGAAG	4359
Query	961	ATCAGCCCTGATGTTGTAACCTTATAATGCTTTGATCAATGCATTGTGCAAGGAAGGCAAG	1020
Sbjct	4358	ATCAGCCCTGATGTTGTAACCTTATAATGCTTTGATCAATGCATTGTGCAAGGAAGGCAAG	4299
Query	1021	TTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTATAATCCCTAATACA	1080
Sbjct	4298	TTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTATAATCCCTAATACA	4239
Query	1081	ATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAAACAGAATCGTCTTGATGCTGCTGAG	1140
Sbjct	4238	ATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAAACAGAATCGTCTTGATGCTGCTGAG	4179
Query	1141	CACATGTTTTATTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAATCACTTTCAATACT	1200
Sbjct	4178	CACATGTTTTATTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAATCACTTTCAATACT	4119
Query	1201	CTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGGAACCTTCCATGAG	1260
Sbjct	4118	CTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGGAACCTTCCATGAG	4059
Query	1261	ATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTACAACACTCTTATTCACGGGTTT	1320
Sbjct	4058	ATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTACAACACTCTTATTCACGGGTTT	3999
Query	1321	TATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTACAAGAGATGATCTCTAGTGGT	1380
Sbjct	3998	TATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTACAAGAGATGATCTCTAGTGGT	3939
Query	1381	TTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCTCGCATAATGGGAAA	1440
Sbjct	3938	TTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCTCGCATAATGGGAAA	3879
Query	1441	CTAAAGATGCATTGGAATGTTTAAAGTTATGCGAGAAGAGTAAGAAGGATCTTGATGCT	1500
Sbjct	3878	CTAAAGATGCATTGGAATGTTTAAAGTTATGCGAGAAGAGTAAGAAGGATCTTGATGCT	3819
Query	1501	AGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCTACAATATATTGATCAGCGGC	1560
Sbjct	3818	AGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCTACAATATATTGATCAGCGGC	3759
Query	1561	TTGATCAATGAAGGGAAGTTTATAGAGGCCGAGGAATTATACGAGGAGATGCCCCACAGG	1620
Sbjct	3758	TTGATCAATGAAGGGAAGTTTATAGAGGCCGAGGAATTATACGAGGAGATGCCCCACAGG	3699
Query	1621	GGTATAGTCCCAGATACATACCTATAGCTCAATGATCGATGGATTATGCAAGCAGAGC	1680
Sbjct	3698	GGTATAGTCCCAGATACATACCTATAGCTCAATGATCGATGGATTATGCAAGCAGAGC	3639

Group 2

```

Query 1681 CGCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTTCGATGGGTAGCAAGAGCTTCTCTCCAAAC 1740
          |||
Sbjct 3638 CGCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTTCGATGGGTAGCAAGAGCTTCTCTCCAAAC 3579

Query 1741 GTAGTGACCTTTACTACACTCATTAAATGGCTACTGTAAGGCAGGAAGGGTTGATGATGGG 1800
          |||
Sbjct 3578 GTAGTGACCTTTACTACACTCATTAAATGGCTACTGTAAGGCAGGAAGGGTTGATGATGGG 3519

Query 1801 CTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCTGAAGAGGGATAGTTTGCTAACGCAATTACTTACATC 1860
          |||
Sbjct 3518 CTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCTGAAGAGGGATAGTTTGCTAACGCAATTACTTACATC 3459

Query 1861 ACTTTGATTTGTGGTTCCTCGTAAAGTGGGTAAATATTAATGGGGCTCTAGACATTTTCCAG 1920
          |||
Sbjct 3458 ACTTTGATTTGTGGTTCCTCGTAAAGTGGGTAAATATTAATGGGGCTCTAGACATTTTCCAG 3399

Query 1921 GAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATACCATCCGCAATATGCTGACTGGT 1980
          |||
Sbjct 3398 GAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATACCATCCGCAATATGCTGACTGGT 3339

Query 1981 TTATGGAGTAAAGAGGAACTAAAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGAACTGCAGATGAGT 2040
          |||
Sbjct 3338 TTATGGAGTAAAGAGGAACTAAAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGAACTGCAGATGAGT 3279

Query 2041 ATGG 2044
          |||
Sbjct 3278 ATGG 3275
  
```

Score = 43.0 bits (22), Expect = 5.9
 Identities = 22/22 (100%), Gaps = 0/22 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 2043 GGATCTATCATTTGGGGGATGA 2064
          |||
Sbjct 3149 GGATCTATCATTTGGGGGATGA 3128
  
```

- **SEQ 1 from 54-05A application (10/613,053) against SEQ 87 (nucleotides 167,079-173,669) from Brown Patent No. 2 (7,314,971)**

Score = 1.263e+04 bits (6568), Expect = 0.0
 Identities = 6585/6591 (99%), Gaps = 1/6591 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 1052 ATGGAGGACCAAATTATCCTATATTTTTTGGACTTAATCTTGGTGTACCCCTAGAGTAA 1111
          |||
Sbjct 6591 ATGGAGGACCAAATTATCCTATATTTTTTGGACTTAATCTTGGTGTACCCCTAGAGTAA 6532

Query 1112 ACCCTAAGGTTACCAACCAATAGAAATCACTCATTTTCACAGTTGATATCTTTTAAAAAA 1171
          |||
Sbjct 6531 ACCCTAAGGTTACCAACCAATAGAAATCACTCATTTTCACAGTTGATATCTTTTAAAAAA 6472
  
```

Group 2

Query	1172	GTAACAAAAATATTGTCGAGTTATATTACATTTTTAAAAATAAAATATTAATAATAAAA	1231
Sbjct	6471	GTAACAAAAATATTGTCGAGTTATATTACATTTTTAAAAATAAAATATTAATAATAAAA	6412
Query	1232	ATAATAATATATGCAAAAAAAGATTTTTAAAAAGATTTTAATTCGTCACAAAAACA	1291
Sbjct	6411	ATAATAATATATGCAAAAAAAGATTTTTAAAAAGATTTTAATTCGTCACAAAAACA	6352
Query	1292	CTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCCTGGATAAACTAAACCCCTAAATTAATAAC	1351
Sbjct	6351	CTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCCTGGATAAACTAAACCCCTAAATTAATAAC	6292
Query	1352	ATTAAACCATAATAGTATTTTTAAGATTTAATGTTTGTAGTGTGTTTGTAGTTAG	1411
Sbjct	6291	ATTAAACCATAATAGTATTTTTAAGATTTAATGTTTGTAGTGTGTTTGTAGTTAG	6232
Query	1412	AATTTAGGATTTATCCAAGTGTTTATGATTTATCCAAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGG	1471
Sbjct	6231	AATTTAGGATTTATCCAAGTGTTTATGATTTATCCAAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGG	6172
Query	1472	TTTAGGGTTTAGAGTTTAAATTTATCCAAGGGTCTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTT	1531
Sbjct	6171	TTTAGGGTTTAGAGTTTAAATTTATCCAAGGGTCTATGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTT	6112
Query	1532	TAGGATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAGTTTAAATTTATCC	1591
Sbjct	6111	TAGGATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAGTTTAAATTTATCC	6052
Query	1592	AAGGGTTTAGGGTTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAGGTTTAGTGT	1651
Sbjct	6051	AAGGGTTTAGGGTTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAGGTTTAGTGT	5992
Query	1652	TTTTTGACGATATTAATAATAGTTTCAAAAATTCATTTTTGTAAACGGCTATTATTTTT	1711
Sbjct	5991	TTTTTGACGATATTAATAATAGTTTCAAAAATTCATTTTTGTAAACGGCTATTATTTTT	5932
Query	1712	TTTTTATATTTTATTTTATTTTAAAAACATAATATAACTTGCAATATTTTCTTTCTTTT	1771
Sbjct	5931	TTTTTATATTTTATTTTATTTTAAAAACATAATATAACTTGCAATATTTTCTTTCTTTT	5872
Query	1772	TAAAAAAATATTAATATGAAATACCTGATTCTCTATTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTT	1831
Sbjct	5871	TAAAAAAATATTAATATGAAATACCTGATTCTCTATTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTT	5812
Query	1832	ACTCTAGGGGTGAACCTAAGGATAACTCTATTTTTGGGGTGAATAGCACTATAGCGGA	1891
Sbjct	5811	ACTCTAGGGGTGAACCTAAGGATAACTCTATTTTTGGGGTGAATAGCACTATAGCGGA	5752
Query	1892	TATCTTTTCAATAGATTTATAAGCACGGCTCTACCTATGACTAATCAAGAACTTGGGATG	1951
Sbjct	5751	TATCTTTTCAATAGATTTATAAGCACGGCTCTACCTATGACTAATCAAGAACTTGGGATG	5692

Group 2

Query	1952	ATTGGAAATCTGCAGGTTGTACTCAATATGGGATTATATTGGTTCTAACAGTAGATATG	2011
Sbjct	5691	ATTGGAAATCTGCAGGTTGTACTCAATATGGGATTATATTGGTTCTAACAGTAGATATG	5632
Query	2012	ATCCTTGAAAATTAAAGTTATTAGATCAGTTCATCGTGAAAGGTGTAGGGTTTGTCAATT	2071
Sbjct	5631	ATCCTTGAAAATTAAAGTTATTAGATCAGTTCATCGTGAAAGGTGTAGGGTTTGTCAATT	5572
Query	2072	TATTAACAAATTTGTCAATTTTCAACAAATTTTGTCAATTTTATAAACATGAAAATTATA	2131
Sbjct	5571	TATTAACAAATTTGTCAATTTTCAACAAATTTTGTCAATTTTATAAACATGAAAATTATA	5512
Query	2132	ACGAATGCACCTTGTGTCAGATCCCAATTTGTCAATTTTATTTTGGGAAAAAATGTAG	2191
Sbjct	5511	ACGAATGCACCTTGTGTCAGATCCCAATTTGTCAATTTTATTTTGGGAAAAAATGTAG	5452
Query	2192	CATTTTCGTGAGTGTCTTATTTTGGCAAAAACAAAAGTGTGAGATCAATTTTGACCAA	2251
Sbjct	5451	CATTTTCGTGAGTGTCTTATTTTGGCAAAAACAAAAGTGTGAGATCAATTTTGACCAA	5392
Query	2252	AAAAAATGTAAGATTCACGTAGGTTTCCAAATTTATTAATTTACCCAACTATATTTAA	2311
Sbjct	5391	AAAAAATGTAAGATTCACGTAGGTTTCCAAATTTATTAATTTACCCAACTATATTTAA	5332
Query	2312	ATTAATGTAGACAAATTTGTTTCTGCCATTTTGGCAAAAATGAAGGATCTATGAAG	2371
Sbjct	5331	ATTAATGTAGACAAATTTGTTTCTGCCATTTTGGCAAAAATGAAGGATCTATGAAG	5272
Query	2372	GTTTCCAAGTTTATTAATTTACTCAGATTTATGATAATTATCCATAAATTTACATAATT	2431
Sbjct	5271	GTTTCCAAGTTTATTAATTTACTCAGATTTATGATAATTATCCATAAATTTACATAATT	5212
Query	2432	TTATGAATATCATTTTATTTGGGTAGATTTTATAAATATGAAAGTTTCTTTTATGAGTCA	2491
Sbjct	5211	TTATGAATATCATTTTATTTGGGTAGATTTTATAAATATGAAAGTTTCTTTTATGAGTCA	5152
Query	2492	AAATGTATAAATTTATTTGGGTAACCTTCATAAATTTAGAAATTTACATCGATTTTATATTA	2551
Sbjct	5151	AAATGTATAAATTTATTTGGGTAACCTTCATAAATTTAGAAATTTACATCGATTTTATATTA	5092
Query	2552	ATTCGTATAGATTTATGTTGACTTTATATATGAAAAAATATGTATTATTTAAAGTAGT	2611
Sbjct	5091	ATTCGTATAGATTTATGTTGACTTTATATATGAAAAAATATGTATTATTTAAAGTAGT	5032
Query	2612	TGCTCATATATGATTTTAAATATTAATATGATCCAAAAGTTTAAATGAATAAAGATGT	2671
Sbjct	5031	TGCTCATATATGATTTTAAATATTAATATGATCCAAAAGTTTAAATGAATAAAGATGT	4972
Query	2672	TTATGGAAATTTACAAAAGTTAGTTGTTAAAAGTTAGTGGGAAAAAATTTATTTTATAG	2731
Sbjct	4971	TTATGGGATTTACAAAAGTTAGTTGTTAAAAGTTAGTGGGAAAAAATTTATTTTATAG	4912

Group 2

Query	2732	GCAAAGTGGATTTTGGGTCCCACGAAATTACTTTTCCAAGTTTAAATAGGC	2791
Sbjct	4911	GCAAAGTGGATTTTGGGTCCCACGAAATTACTTTTCCAAGTTTAAATAGGC	4852
Query	2792	AAAGGTTAAAAATGTCATAAATTTATCTCTCTACTAGGTTGCCCAATTGCC	2851
Sbjct	4851	AAAGGTTAAAAATGTCATAAATTTATCTCTCTACTAGGTTGCCCAATTGCC	4792
Query	2852	AAACTTGAGTGGCCTATTTTCTAATTCAAACTTAAAGTTGCCCTTTCCCTA	2911
Sbjct	4791	AAATTTGAGTGGCCTATTTTCTAATTCAAACTTAAAGTTGCCCTTTCCCTA	4732
Query	2912	CCCATAAAGAATGAAAGACATTTTCTTTTCCAAATTACAATCCCTAGATA	2971
Sbjct	4731	CCCATAAAGAATGAAAGACATTTTCTTTTCCAAATTACAATCCCTAGATA	4672
Query	2972	TTGTAGGTGCATTCCATCGGTTATGATTACAGAATAGCTACGCTTCTCTA	3031
Sbjct	4671	TTGTAGGTGCATTCCATCGGTTATGATTACAGAATAGCTACGCTTCTCTA	4612
Query	3032	TTGCGCGTGTGGTGACGTTTCCATGGAATCAAGTAGTGTTTTATCTCCTA	3091
Sbjct	4611	TTGCGCGTGTGGTGACGTTTCCATGGAATCAAGTAGTGTTTTATCTCCTA	4552
Query	3092	ACATATTCATAGATTTTGTGTTTACCTTGTCTGTGTTCTGATCATATACT	3151
Sbjct	4551	ACATATTCATAGATTTTGTGTTTACCTTGTCTGTGTTCTGATCATATACT	4492
Query	3152	TTTCTGTGATTCATCAAGTTTTTGGAGAACAGAAGAAGCAAAAAGAAAAC	3211
Sbjct	4491	TTTCTGTGATTCATCAAGTTTTTGGAGAACAGAAGAAGCAAAAAGAAAAC	4432
Query	3212	TGCTCTTACAAATGTTTTAACCGTGAGTGATAAATTTATTACATAAAAGT	3271
Sbjct	4431	TGCTCTTACAAATGTTTTAACCGTGAGTGATAAATTTATTACATAAAAGT	4372
Query	3272	TAGATTTAATCAACCAATTTAATATATTTATTTATTTAGTTTATTTTTT	3331
Sbjct	4371	TAGATTTAATCAACCAATTTAATATATTTATTTATTTAGTTTATTTTTT	4312
Query	3332	TTTATATTTAGTTTGAACACCTCTATTTGAGTACAACATAGATTATAAT	3391
Sbjct	4311	TTTATATTTAGTTTGAACACCTCTATTTGAGTACAACATAGATTATAAT	4252
Query	3392	ATAAAATAGCATAAATTTTTATTTTCATTGTTTTATGATAAAATCTAAAT	3451
Sbjct	4251	ATAAAATAGCATAAATTTTTATTTTCATTGTTTTATGATAAAATCTAAAT	4192
Query	3452	TATAATATTATATATTACTAATTGCAAAAATTAATTAATACATTATTTTA	3511
Sbjct	4191	TATAATATTATATATTACTAATTGCAAAAATTAATTAATACATTATTTTA	4132

Group 2

Query	3512	TTTAAACGTTGGGTAGGATTTTGTAGATTTTTTCAACAAATTTGTTATAGCTAAAA	3571
Sbjct	4131	TTTAAACGTTGGGTAGGATTTTGTAGATTTTTTCAACAAATTTGTTATAGCTAAAA	4072
Query	3572	TAAAAATCAAAATGTATTGTTAAAAATGATTTTTTTTTTTTGGATTATTAAGATTTAATA	3631
Sbjct	4071	TAAAAATCAAAATGTATTGTTAAAAATGATTTTTTTTTTTTGGATTATTAAGATTTAATA	4012
Query	3632	TAAATAAACATATATGTCATATTAATATTTAACTAAGTGGTCCTAATCTTTGAAGTACGG	3691
Sbjct	4011	TAAATAAACATATATGTCATATTAATATTTAACTAAGTGGTCCTAATCTTTGAAGTACGG	3952
Query	3692	GGTGGGCGTTCCGGTACCTATTCGGGTTTCGGTTCGAGTCTATTCGGATTTCGGATTTTT	3751
Sbjct	3951	GGTGGGCGTTCCGGTACCTATTCGGGTTTCGGTTCGAGTCTATTCGGATTTCGGATTTTT	3892
Query	3752	GGGGTCAAGATTTTAGCCCCATTTCGGTTATTTCTAAATTACGGTTCGGGTTCCGGTTCGG	3811
Sbjct	3891	GGGGTCAAGATTTTAGCCCCATTTCGGTTATTTCTAAATTACGGTTCGGGTTCCGGTTCGG	3832
Query	3812	ATCCTTTCGGGATTCGGTTCGGGTTCCGGATAACCCGTTTAAATATTTTCAAAATTTTAAA	3871
Sbjct	3831	ATCCTTTCGGGATTCGGTTCGGGTTCCGGATAACCCGTTTAAATATTTTCAAAATTTTAAA	3772
Query	3872	ATTCATTATATATTTTAAACTTTTCGAAATTTGTAAACAAAATAATATATTACATATAA	3931
Sbjct	3771	ATTCATTATATATTTTAAACTTTTCGAAATTTGTAAACAAAATAATATATTACATATAA	3712
Query	3932	ATTCATAATATATGTCGAAGTACCAAACTTAACATGTAAATTGGTTTGATTGGGATA	3991
Sbjct	3711	ATTCATAATATATGTCGAAGTACCAAACTTAACATGTAAATTGGTTTGATTGGGATA	3652
Query	3992	TTTGGATAGAAAAATCAATCATATTTTATATATTTTGGTGTTTGAGTATGCTTTAACTA	4051
Sbjct	3651	TTTGGATAGAAAAATCAATCATATTTTATATATTTTGGTGTTTGAGTATGCTTTAACTA	3592
Query	4052	TTTATACATGTACTTTTTTAATGTTTTTATATATTTCTAGTATTTTGAACAATTTAAAAG	4111
Sbjct	3591	TTTATACATGTACTTTTTTAATGTTTTTATATATTTCTAGTATTTTGAACAATTTAAAAG	3532
Query	4112	TATTATATATATTTTAGATGCTTTTTTAATATATATTTCAATCTAAAAATAGTTAAATATAT	4171
Sbjct	3531	TATTATATATATTTTAGATGCTTTTTTAATATATATTTCAATCTAAAAATAGTTAAATATAT	3472
Query	4172	ATGTATATTAATCTATTTCCGGATACATTCGGATATCCAAAAATATTTTGGTTCGGATCGGG	4231
Sbjct	3471	ATGTATATTAATCTATTTCCGGATACATTCGGATATCCAAAAATATTTTGGTTCGGATCGGG	3412
Query	4232	TTCCGGTTTTGGTCTTTTAAATACCAAAAAATTTAAACCTATTCGGATATTCAAATTAATTTT	4291
Sbjct	3411	TTCCGGTTTTGGTCTTTTAAATACCAAAAAATTTAAACCTATTCGGATATTCAAATTAATTTT	3352

Group 2

Query	4292	GGTTCGGATTGGTATTACTTTGCAGATCGGATTCGGTTCGGTTCCTTTGGATTGAGTTT	4351
Sbjct	3351	GGTTCGGATTGGTATTACTTTGCAGATCGGATTCGGTTCGGTTCCTTTGGATTGAGTTT	3292
Query	4352	TTTGTCCAGCCCTACTCTGAACAGTAGATAAAAAATAGAACCCATAAATTAAGGTTAG	4411
Sbjct	3291	TTTGTCCAGCCCTACTCTGAACAGTAGATAAAAAATAGAACCCATAAATTAAGGTTAG	3232
Query	4412	ATTTGGTTAGGTCCTTCTAATTAGTAGTGGAGATTCTCGATTCCCTTCTCATTGCAGTGTG	4471
Sbjct	3231	ATTTGGTTAGGTCCTTCTAATTAGTAGTGGAGATTCTCGATTCCCTTCTCATTGCAGTGTG	3172
Query	4472	GTATGTCCAACCTCATTGTTTATGTACATATCCAATTAGTTTGTAGTCAAATGTTTAGTT	4531
Sbjct	3171	GTATGTCCAACCTCATTGTTTATGTACATATCCAATTAGTTTGTAGTCAAATGTTTAGTT	3112
Query	4532	ACTTAAGAGTTGAATGAAATAGGGGATGATATTGATGGCCAAGGTTCTCCCAAGTAAAT	4591
Sbjct	3111	ACTTAAGAGTTGAATGAAATAGGGGATGATATTGATGGCCAAGGTTCTCCCAAGTAAAT	3052
Query	4592	-AACTTGTGTTTATTTTAAAGTTAGCTTATAACATCAATAAAAAATGTCATTAACTGGGTTT	4650
Sbjct	3051	AAACTTGTGTTTATTTTAAAGTTAGCTTATAACATCAATAAAAAATGTCATTAACTGGGTTT	2992
Query	4651	AATAAAAAATGTCATTAACTGGTTCCTCTAATATAATTATTTAACACACCTGGCTGTTGAT	4710
Sbjct	2991	AATAAAAAATGTCATTAACTGGTTCCTCTAATATAATTATTTAACACACCTGGCTGTTGAT	2932
Query	4711	AAATTTTTATGATCGTTTAAATAATTTTAGAAGTGGATAGTCTGTAAATGGTCTTTGATTG	4770
Sbjct	2931	AAATTTTTATGATCGTTTAAATAATTTTAGAAGTGGATAGTCTGTAAATGGTCTTTGATTG	2872
Query	4771	GTCGCTCTGATTTTTTAAAGTGGACTAAACAAGAAGGCTTAGTAATAAATACTGAACCGG	4830
Sbjct	2871	GTCGCTCTGATTTTTTAAAGTGGACTAAACAAGAAGGCTTAGTAATAAATACTGAACCGG	2812
Query	4831	AACTCTACTGGTTTCAATAGCTCGGTTTATCAATTTCTCTCGGCTCTGGGTTTAGTGAAT	4890
Sbjct	2811	AACTCTACTGGTTTCAATAGCTCGGTTTATCAATTTCTCTCGGCTCTGGGTTTAGTGAAT	2752
Query	4891	CATGTGGCCCTGTGGGTTTAAACAAGGAACCTCAATCAATCAACTGGTGACAAATCTGAAC	4950
Sbjct	2751	CATGTGGCCCTGTGGGTTTAAACAAGGAACCTCAATCAATCAACTGGTGACAAATCTGAAC	2692
Query	4951	CGGAAATTGTATAATTCAAACCTGAACCGGTTCTTGTAACCAAAATGGAACCCGTTTGTAC	5010
Sbjct	2691	CGGAAATTGTATAATTCAAACCTGAACCGGTTCTTGTAACCAAAATGGAACCCGTTTGTAC	2632
Query	5011	TTTATCTCTCGTTTATTTTCTCAGTCACGAGTTTTTTTTAGAGATCGACGAAGAACAAAA	5070
Sbjct	2631	TTTATCTCTCGTTTATTTTCTCAGTCACGAGTTTTTTTTAGAGATCGACGAAGAACAAAA	2572

Group 2

Query	5071	TTTAGGCGAAACAAAAATAAAATGTTGGCTAGGGTTTGGGATTCAAGTGTCTCTTCTCT	5130
Sbjct	2571	TTTAGGCGAAACAAAAATAAAATGTTGGCTAGGGTTTGGGATTCAAGTGTCTCTTCTCT	2512
Query	5131	CCTGCTGAGTCTGCGGGCTAGATTGTTCTGTACGAGATCGATTCTGTACTCTGGCCAAG	5190
Sbjct	2511	CCTGCTGAGTCTGCGGGCTAGATTGTTCTGTACGAGATCGATTCTGTACTCTGGCCAAG	2452
Query	5191	GCAAGCGGAGAGAGTTGCGAAGCAGGTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAGTGGG	5250
Sbjct	2451	GCAAGCGGAGAGAGTTGCGAAGCAGGTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAGTGGG	2392
Query	5251	TTTCATGAAATCAAAGGTTTAGAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCT	5310
Sbjct	2391	TTTCATGAAATCAAAGGTTTAGAGGATGCGATTGATTTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCT	2332
Query	5311	CGTCCCTTACCTTCTGTGGTTGATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAAGATGGAA	5370
Sbjct	2331	CGTCCCTTACCTTCTGTGGTTGATTTCTGTAAATTGATGGGTGTGGTGGTGAAGATGGAA	2272
Query	5371	CGCCCGGATCTTGTGATTTCTCTCTATCAGAAGATGGAAGGAACAGATTTCGATGTGAT	5430
Sbjct	2271	CGCCCGGATCTTGTGATTTCTCTCTATCAGAAGATGGAAGGAACAGATTTCGATGTGAT	2212
Query	5431	ATATACAGCTTCAATATTCTGATAAAATGTTTCTGCAGTGCCTAAGCTCCCCTTTGCT	5490
Sbjct	2211	ATATACAGCTTCAATATTCTGATAAAATGTTTCTGCAGTGCCTAAGCTCCCCTTTGCT	2152
Query	5491	TTGTCTACATTTGGTAAGATCACCAAGCTTGGACTCCACCCCTGATGTTGTTACCTTCACC	5550
Sbjct	2151	TTGTCTACATTTGGTAAGATCACCAAGCTTGGACTCCACCCCTGATGTTGTTACCTTCACC	2092
Query	5551	ACCCCTGCTCCATGGATTATGTGTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCAT	5610
Sbjct	2091	ACCCCTGCTCCATGGATTATGTGTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCAT	2032
Query	5611	CAAATGTTTGAACGACATGTAGGCCCAATGTCGTAACTTCACCACTTTGATGAACGGT	5670
Sbjct	2031	CAAATGTTTGAACGACATGTAGGCCCAATGTCGTAACTTCACCACTTTGATGAACGGT	1972
Query	5671	CTTGCCCGCAGGGTAGAATTGTCGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGAT	5730
Sbjct	1971	CTTGCCCGCAGGGTAGAATTGTCGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGAT	1912
Query	5731	GGTCTCCAGCCTACCCAGATTACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGA	5790
Sbjct	1911	GGTCTCCAGCCTACCCAGATTACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGA	1852
Query	5791	GATACTGTGCTGCACCTGAATCTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCC	5850
Sbjct	1851	GATACTGTGCTGCACCTGAATCTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCC	1792

Group 2

Query	5851	AATGTTGTAATCTATAGTGCAATCATTGATAGCCCTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGAT	5910
Sbjct	1791	AATGTTGTAATCTATAGTGCAATCATTGATAGCCCTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGAT	1732
Query	5911	GCACAAAATCTTTTCACTGAAATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTATTATACCTAC	5970
Sbjct	1731	GCACAAAATCTTTTCACTGAAATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTATTATACCTAC	1672
Query	5971	AACAGTATGATAGTTGGTTTTTGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTG	6030
Sbjct	1671	AACAGTATGATAGTTGGTTTTTGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTG	1612
Query	6031	CAAGAAATGTTAGAAAGGAAGATCAGCCCTGATGTTGTAACTTATAATGCTTTGATCAAT	6090
Sbjct	1611	CAAGAAATGTTAGAAAGGAAGATCAGCCCTGATGTTGTAACTTATAATGCTTTGATCAAT	1552
Query	6091	GCATTTGTCAAGGAAGGCAAGTTCCTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCA	6150
Sbjct	1551	GCATTTGTCAAGGAAGGCAAGTTCCTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCA	1492
Query	6151	AGGGGTATAATCCCTAATACAATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAAACAG	6210
Sbjct	1491	AGGGGTATAATCCCTAATACAATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAAACAG	1432
Query	6211	AATCGTCTTGATGCTGCTGAGCACATGTTTTATTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCC	6270
Sbjct	1431	AATCGTCTTGATGCTGCTGAGCACATGTTTTATTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCC	1372
Query	6271	AACCTAATCACTTTCATCTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGAT	6330
Sbjct	1371	AACCTAATCACTTTCATCTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGAT	1312
Query	6331	GGAATGGAACCTCTCCATGAGATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTAC	6390
Sbjct	1311	GGAATGGAACCTCTCCATGAGATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTAC	1252
Query	6391	AACACTCTTATTCACGGGTCTATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTA	6450
Sbjct	1251	AACACTCTTATTCACGGGTCTATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTA	1192
Query	6451	CAAGAGATGATCTCTAGTGGTTTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGAT	6510
Sbjct	1191	CAAGAGATGATCTCTAGTGGTTTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGAT	1132
Query	6511	GGTCTCTGCGATAATGGGAAACTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAAGGTTATGCGAGAAG	6570
Sbjct	1131	GGTCTCTGCGATAATGGGAAACTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAAGGTTATGCGAGAAG	1072
Query	6571	AGTAAGAAGGATCTTGATGCTAGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCT	6630
Sbjct	1071	AGTAAGAAGGATCTTGATGCTAGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCT	1012

Group 2

Query	6631	TACAATATATTTGATCAGCGGCTTGATCAATGAAGGGAAGTTTTAGAGGCCGAGGAATTA	6690
Sbjct	1011	TACAATATATTTGATCAGCGGCTTGATCAATGAAGGGAAGTTTTAGAGGCCGAGGAATTA	952
Query	6691	TACGAGGAGATGCCCCACAGGGGTATAGTCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATC	6750
Sbjct	951	TACGAGGAGATGCCCCACAGGGGTATAGTCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATC	892
Query	6751	GATGGATTATGCAAGCAGAGCGCGCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGGATTCGATGGGT	6810
Sbjct	891	GATGGATTATGCAAGCAGAGCGCGCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGGATTCGATGGGT	832
Query	6811	AGCAAGAGCTTCTCTCCAAACGTAGTGACCTTTACTACACTCATTATGGCTACTGTAAG	6870
Sbjct	831	AGCAAGAGCTTCTCTCCAAACGTAGTGACCTTTACTACACTCATTATGGCTACTGTAAG	772
Query	6871	GCAGGAAGGGTTGATGATGGGCTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTGCAAGAGGGATAGTT	6930
Sbjct	771	GCAGGAAGGGTTGATGATGGGCTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTGCAAGAGGGATAGTT	712
Query	6931	GCTAACGCAATTAACCTACATCACTTTGATTGTGGTTTTTCGTAAGTGGGTAATATTAAT	6990
Sbjct	711	GCTAACGCAATTAACCTACATCACTTTGATTGTGGTTTTTCGTAAGTGGGTAATATTAAT	652
Query	6991	GGGGCTCTAGACATTTTCCAGGAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTAAC	7050
Sbjct	651	GGGGCTCTAGACATTTTCCAGGAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTAAC	592
Query	7051	ATCCGCAATATGCTGACTGGTTTATGGAGTAAAGAGGAACAAAAAGGCGAGTGGCAATG	7110
Sbjct	591	ATCCGCAATATGCTGACTGGTTTATGGAGTAAAGAGGAACAAAAAGGCGAGTGGCAATG	532
Query	7111	CTTGAGAAATGCAGATGAGTATGGTATGTAAGTTTCTGTTGAGTCTATGATTTTTTAT	7170
Sbjct	531	CTTGAGAAATGCAGATGAGTATGGTATGTAAGTTTCTGTTGAGTCTATGATTTTTTAT	472
Query	7171	ATAAACAGAATGTATACATTCTTTTGTGTAGCTTCAGATTGATGATACACGTTCTGG	7230
Sbjct	471	ATAAACAGAATGTATACATTCTTTTGTGTAGCTTCAGATTGATGATACACGTTCTGG	412
Query	7231	AATTAACCATTTGGTTTGGTTTGCATTGTAGGATCTATCATTGGGGGATGAATGATCAA	7290
Sbjct	411	AATTAACCATTTGGTTTGGTTTGCATTGTAGGATCTATCATTGGGGGATGAATGATCAA	352
Query	7291	AGATTTCTCTCTGTTTTCGCGAGCAGAGCTTCAATGTCATTTTGTTTCTGCTGCTGCATGT	7350
Sbjct	351	AGATTTCTCTCTGTTTTCGCGAGCAGAGCTTCAATGTCATTTTGTTTCTGCTGCTGCATGT	292
Query	7351	ATACCCCTACTAATGTTTGTATCAAAATCGTTGAATAGAGTGATCATAGTAAAAAATTGTGTG	7410
Sbjct	291	ATACCCCTACTAATGTTTGTATCAAAATCGTTGAATAGAGTGATCATAGTAAAAAATTGTGTG	232

Group 2

```

Query 7411  GTTAGTAAAGTTATTTTGTGCTATTCTAATGACAGCCTTTTATGCGCTATTGTCTGGGC 7470
           |||
Sbjct 231    GTTAGTAAAGTTATTTTGTGCTATTCTAATGACAGCCTTTTATGCGCTATTGTCTGGGC 172

Query 7471  TTAATAAAATTTGACCATTTCCAATTAAATTCATACACTTGTTTCACGCAAGATTATTGG 7530
           |||
Sbjct 171    TTAATAAAATTTGACCATTTCCAATTAAATTCATACACTTGTTTCACGCAAGATTATTGG 112

Query 7531  TCTGAACATAAAGAGGCACACCTTCCAGAAGATTTCAGGTGTTAAAGATGTTTAGGTGTC 7590
           |||
Sbjct 111    TCTGAACATAAAGAGGCACACCTTCCAGAAGATTTCAGGTGTTAAAGATGTTTAGGTGTC 52

Query 7591  TGCCCCGTTCTGTAGCTGTCACCATGGTTATCGTCAAGCTCGGTCTTCATGA 7641
           |||
Sbjct 51     TGCCCCGTTCTGTAGCTGTCACCATGGTTATCGTCAAGCTCGGTCTTCATGA 1
  
```

Score = 285 bits (148), Expect = 3e-72
 Identities = 192/209 (91%), Gaps = 5/209 (2%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 642    ATATTTAAGATAAAATGTAGACAAATTTGTTCTTCTACCATTTTGACAAAAAATGAAAGA 701
           |||
Sbjct 5339   ATATTTAAGATAAAATGTAGACAAATTTGTT-TCCTGCCATTTTGGCAAAAAATGAAGGA 5281

Query 702    TCTATGTAGGTTTCCCAAGTTTATTAAATTTACCCAGATTATGAAAAATATCCATAAAAT 761
           |||
Sbjct 5280   TCTATGAAGGTTTCCCAAGTTTATTAAATTTACTCAGATTATGATAATATCCATAAAAT 5221

Query 762    TATATAATTTTATGAATAATTTATCATTATTTGGGTAAATTTATATAAATATGAAAGTTT 821
           |||
Sbjct 5220   TACATAATTTTATGAA----TTATCATTATTTGGGTAGATTTCATAAAATATGAAAGTTT 5165

Query 822    CTTTATGGGTCAAAATGTATAATTTATT 850
           |||
Sbjct 5164   CTTTATGAGTCAAAATGTATAATTTATT 5136
  
```

Score = 144 bits (75), Expect = 5e-30
 Identities = 180/225 (80%), Gaps = 3/225 (1%)
 Strand=Plus/Plus

```

Query 1099  ACCCCTAGAGTAAACCTTAAGGTTACC-AACCAATAGAAATCACTCATTTACAGTTGA 1157
           |||
Sbjct 5801  ACCCCTAGAGTGAACATTAGGTTACCCAACCAATAGGAATCAAGATTTTCATAATTAA 5860

Query 1158  TATCTTTTA-AAAAAGTAAACAAAATATTGTCGAGTTATATTACATTTTAAAAATAAAA 1216
           |||
Sbjct 5861  TATTTTTTTTAAAAAGAAAAGAAAATATTGTCAAGTTATATTATGTTTTTAAAAATAAATA 5920

Query 1217  TATTAATAAAAAATAAATAATATATGCAAAAAAAGATTTTAAAAAGATTTTAAAT 1276
           |||
Sbjct 5921  AAAATATAAAAAATAAATAGCCGTTACAAAAAATGAATTTTGAAGAACTATTTTAAAT 5980
  
```

Group 2

Query 1277 TTCGTCACAAAAACACTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCCT 1321
 Sbjct 5981 ATCGTCAA-AAAACACTAAACCTTAAACCCCTAAATCCTAAACCCCT 6024

Score = 144 bits (75), Expect = 5e-30
 Identities = 180/225 (80%), Gaps = 3/225 (1%)
 Strand=Plus/Plus

Query 1619 AGGGTTTAGGATTAGGGTTAAGGTTTAGTGTTTT-TTGACGATATTAATAATAGTTTT 1677
 Sbjct 6322 AGGGTTTAGGATTAGGATTAGAGTTTAGTGTTTTTGTTGACGAAATTAATAATCTTTT 6381
 Query 1678 CAAAAATTCATTTTTGTACGGCTATTATTTTTTTTTATATTTATTTATTTTAAAAA 1737
 Sbjct 6382 AAAAAATTCATTTTTGTACATATATTTATTTTATTTTATTTTAAATTTTATTTTAAAAA 6441
 Query 1738 CATAATATAACTTGACAATATTTCTTTCTTTTAAAAAAAATTAATTATGAAATAC 1797
 Sbjct 6442 TGTAATATAACTCGACAATATTTGTTTACTTTTT-TAAAAGATATCAACTGTGAAATGA 6500
 Query 1798 TTGATTCTCTATTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTCACTCTAGGGGT 1842
 Sbjct 6501 GTGATTCTCTATTGGTT-GGTGAACCTTAAGGTTTACTCTAGGGGT 6544

Score = 69.9 bits (36), Expect = 2e-07
 Identities = 54/63 (85%), Gaps = 0/63 (0%)
 Strand=Plus/Minus

Query 689 AAAAAATGAAAGATCTATGTAGGTTTCCAAGTTTATAAATTTACCCAGATTTATGAAAA 748
 Sbjct 5390 AAAAAATGTAAGATTACGTTAGGTTTCCAATTTATTAATTTTACCCAACATATATTAATA 5331
 Query 749 TTA 751
 Sbjct 5330 TTA 5328

Score = 64.1 bits (33), Expect = 1e-05
 Identities = 45/51 (88%), Gaps = 0/51 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query 1287 AAACACTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCCTTGGATAAATACTAAAC 1337
 Sbjct 6162 AAACCCTAACCCCTAAATTTCTAAACCCCTAAACCCCTTGGATAAATCATAAAC 6212

Score = 64.1 bits (33), Expect = 1e-05
 Identities = 45/51 (88%), Gaps = 0/51 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Group 2

```

Query   1431   GTTTATGATTATCCAAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGTTT   1481
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
Sbjct   6306   GTTTAGTATTATCCAAGGGTTTAGGATTAGAGTTTAGAGTTTAGTGT   6356
  
```

Score = 62.2 bits (32), Expect = 4e-05
 Identities = 52/62 (83%), Gaps = 0/62 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query   565   TACCCAAGGGTTCCGGATTAGGATTCAGGGTTTAGAGTTTAGGATTTAGGTTTAGTGT   624
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
Sbjct   6130   TACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAGTTTAGGTTTAGGGT   6071

Query   625   TT   626
          ||
Sbjct   6070   TT   6069
  
```

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
 Identities = 50/63 (79%), Gaps = 0/63 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query   545   TTACCCAATGGTTCGGATTACCCAAGGGTTCCGGATTAGGATTCAGGGTTTAGAGTT   604
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
Sbjct   6057   TTATCCAAGGGTTTAGGGTTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAGGT   5998

Query   605   TAG   607
          |||
Sbjct   5997   TAG   5995
  
```

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
 Identities = 28/30 (93%), Gaps = 0/30 (0%)
 Strand=Plus/Plus

```

Query   1292   CTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCT   1321
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
Sbjct   6088   CTAAACCTAAACCTAAATCCTAAACCT   6117
  
```

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
 Identities = 44/54 (81%), Gaps = 0/54 (0%)
 Strand=Plus/Plus

```

Query   1500   AGGGTCTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAGGGTTT   1553
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
Sbjct   6303   AGGGTTTAGTATTATCCAAGGGTTTAGGATTTAGAGTTTAGAGTTTAGTGT   6356
  
```

Score = 46.8 bits (24), Expect = 1.7
 Identities = 28/30 (93%), Gaps = 0/30 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Group 2

Query 1526 AGGGTTTAGGATTAGGGTTAGGGTTAG 1555
 |||||
 Sbjct 6322 AGGGTTTAGGATTAGAGTTAGAGTTAG 6351

Score = 44.9 bits (23), Expect = 6.5
 Identities = 33/38 (86%), Gaps = 0/38 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query 1287 AAACACTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCCTGG 1324
 |||||
 Sbjct 6090 AAACCCCTAAACCTAAATCCTAAACCCCTAAACCCCTGG 6127

- SEQ 2 from 54-05A application (10/613,053) against SEQ 87 (nucleotides 167,079-173,669) from Brown Patent No. 2 (7,314,971)

Score = 3930 bits (2044), Expect = 0.0
 Identities = 2044/2044 (100%), Gaps = 0/2044 (0%)
 Strand=Plus/Minus

Query 1 ATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTCTTCTCTCTCCGTGAGTCTGCGGCTAGA 60
 |||||
 Sbjct 2550 ATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTCTTCTCTCTCCGTGAGTCTGCGGCTAGA 2491

Query 61 TTGTTCTGTACGAGATCGATTTCGTGATACTCTGGCCAAGGCAAGCGGAGAGAGTTGCGAA 120
 |||||
 Sbjct 2490 TTGTTCTGTACGAGATCGATTTCGTGATACTCTGGCCAAGGCAAGCGGAGAGAGTTGCGAA 2431

Query 121 GCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAGTGGGTTTCATGAAATCAAAGGTTTA 180
 |||||
 Sbjct 2430 GCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAAGTGGGTTTCATGAAATCAAAGGTTTA 2371

Query 181 GAGGATGCGATTGATTGTTGTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCCCTTACCTTCTGTGGTT 240
 |||||
 Sbjct 2370 GAGGATGCGATTGATTGTTGTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCCCTTACCTTCTGTGGTT 2311

Query 241 GATTTCCTGTAATTTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAACGCCCGGATCTTGTGATTCT 300
 |||||
 Sbjct 2310 GATTTCCTGTAATTTGATGGGTGTGGTGGTGAGAATGGAACGCCCGGATCTTGTGATTCT 2251

Query 301 CTCTATCAGAAGATGGAAGGAAACAGATTTCGATGTGATATATACAGCTTCAATATTCTG 360
 |||||
 Sbjct 2250 CTCTATCAGAAGATGGAAGGAAACAGATTTCGATGTGATATATACAGCTTCAATATTCTG 2191

Query 361 ATAAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCCTTGCTTTGCTACATTGGTAAGATC 420
 |||||
 Sbjct 2190 ATAAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCCTTGCTTTGCTACATTGGTAAGATC 2131

Group 2

Query	421	ACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACCACCCTGCTCCATGGATTATGT	480
Sbjct	2130	ACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTCACCACCCTGCTCCATGGATTATGT	2071
Query	481	GTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTCATCAAATGTTTGAACGACATGT	540
Sbjct	2070	GTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTCATCAAATGTTTGAACGACATGT	2011
Query	541	AGGCCCAATGTCGTAACTTCACCACCTTGTATGAACGGTCTTTGCCGCGAGGGTAGAATT	600
Sbjct	2010	AGGCCCAATGTCGTAACTTCACCACCTTGTATGAACGGTCTTTGCCGCGAGGGTAGAATT	1951
Query	601	GTCGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGATGGTCTCCAGCCTACCCAGATT	660
Sbjct	1950	GTCGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGATGGTCTCCAGCCTACCCAGATT	1891
Query	661	ACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTGTGCTCGCATGAAT	720
Sbjct	1890	ACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTGTGCTCGCATGAAT	1831
Query	721	CTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCAATGTTGTAATCTATAGTGCA	780
Sbjct	1830	CTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCAATGTTGTAATCTATAGTGCA	1771
Query	781	ATCATTTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTATAGCGATGCACAAAATCTTTTCACTGAA	840
Sbjct	1770	ATCATTTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTATAGCGATGCACAAAATCTTTTCACTGAA	1711
Query	841	ATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTATTTACCTACAACAGTATGATAGTTGGTTTT	900
Sbjct	1710	ATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTATTTACCTACAACAGTATGATAGTTGGTTTT	1651
Query	901	TGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTGCAAGAAATGTTAGAAAGGAAG	960
Sbjct	1650	TGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTGCAAGAAATGTTAGAAAGGAAG	1591
Query	961	ATCAGCCCTGATGTTGTAACCTTATAATGCTTTGATCAATGCATTGTCAAGGAAGGCAAG	1020
Sbjct	1590	ATCAGCCCTGATGTTGTAACCTTATAATGCTTTGATCAATGCATTGTCAAGGAAGGCAAG	1531
Query	1021	TTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTATAATCCCTAATACA	1080
Sbjct	1530	TTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTATAATCCCTAATACA	1471
Query	1081	ATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAAACAGAAATCGTCTTGATGCTGCTGAG	1140
Sbjct	1470	ATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAAACAGAAATCGTCTTGATGCTGCTGAG	1411
Query	1141	CACATGTTTTATTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAATCACTTTCAATACT	1200
Sbjct	1410	CACATGTTTTATTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAATCACTTTCAATACT	1351

Group 2

Query	1201	CTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGGAACCTTCCATGAG	1260
Sbjct	1350	CTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGGAACCTTCCATGAG	1291
Query	1261	ATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTACAACACTCTTATTACGGGGTTC	1320
Sbjct	1290	ATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTACAACACTCTTATTACGGGGTTC	1231
Query	1321	TATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTACAAGAGATGATCTCTAGTGGT	1380
Sbjct	1230	TATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTACAAGAGATGATCTCTAGTGGT	1171
Query	1381	TTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCTGCGATAATGGGAAA	1440
Sbjct	1170	TTGTGCCCTGATATCGTTACTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCTGCGATAATGGGAAA	1111
Query	1441	CTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAGAGTAAGAAGGATCTTGATGCT	1500
Sbjct	1110	CTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAGAGTAAGAAGGATCTTGATGCT	1051
Query	1501	AGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCTTACAATATATTGATCAGCGGC	1560
Sbjct	1050	AGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCTTACAATATATTGATCAGCGGC	991
Query	1561	TTGATCAATGAAGGGAAGTTTTTAGAGGCCGAGGAATTATACGAGGAGATGCCCCACAGG	1620
Sbjct	990	TTGATCAATGAAGGGAAGTTTTTAGAGGCCGAGGAATTATACGAGGAGATGCCCCACAGG	931
Query	1621	GGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATCGATGGATTATGCAAGCAGAGC	1680
Sbjct	930	GGTATAGTCCCAGATACTATCACCTATAGCTCAATGATCGATGGATTATGCAAGCAGAGC	871
Query	1681	CGCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTGATGGGTAGCAAGAGCTTCTCTCCAAAC	1740
Sbjct	870	CGCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTGATGGGTAGCAAGAGCTTCTCTCCAAAC	811
Query	1741	GTAGTGACCTTTACTACACTCATTAAATGGCTACTGTAAGGCAGGAAGGGTTGATGATGGG	1800
Sbjct	810	GTAGTGACCTTTACTACACTCATTAAATGGCTACTGTAAGGCAGGAAGGGTTGATGATGGG	751
Query	1801	CTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTGGAAGAGGGATAGTTGCTAACGCAATTACTTACATC	1860
Sbjct	750	CTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTGGAAGAGGGATAGTTGCTAACGCAATTACTTACATC	691
Query	1861	ACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAATGGGGCTCTAGACATTTTCCAG	1920
Sbjct	690	ACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAATGGGGCTCTAGACATTTTCCAG	631
Query	1921	GAGATGATTTCAAGTGGTGTGATCCTGATACCATTACCATCCGCAATATGCTGACTGGT	1980
Sbjct	630	GAGATGATTTCAAGTGGTGTGATCCTGATACCATTACCATCCGCAATATGCTGACTGGT	571

Group 2

```

Query 1981 TTATGGAGTAAAGAGGAACATAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGAACTGCAGATGAGT 2040
          |||
Sbjct 570 TTATGGAGTAAAGAGGAACATAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGAACTGCAGATGAGT 511

Query 2041 ATGG 2044
          |||
Sbjct 510 ATGG 507
  
```

Score = 43.0 bits (22), Expect = 5.9
 Identities = 22/22 (100%), Gaps = 0/22 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 2043 GGATCTATCATTTGGGGGATGA 2064
          |||
Sbjct 381 GGATCTATCATTTGGGGGATGA 360
  
```

- **SEQ 1 from 54-05A application (10/613,053) against SEQ 87 (nucleotides 167,079-173,669 with the intron at nucleotides 167,459-167,585 removed) from Brown Patent No. 2 (7,314,971)**

Score = 1.166e+04 bits (6062), Expect = 0.0
 Identities = 6079/6085 (99%), Gaps = 1/6085 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 1052 ATGGAGGCACCAAAATTATCCTATATTTTTGGACTTAATCTTGGTGTACCCCTAGAGTAA 1111
          |||
Sbjct 6464 ATGGAGGCACCAAAATTATCCTATATTTTTGGACTTAATCTTGGTGTACCCCTAGAGTAA 6405

Query 1112 ACCCTAAGGTTACCAACCAATAGAAATCACTCATTTACAGTTGATATCTTTAAAAAA 1171
          |||
Sbjct 6404 ACCCTAAGGTTACCAACCAATAGAAATCACTCATTTACAGTTGATATCTTTAAAAAA 6345

Query 1172 GTAAACAAAATATTGTCGAGTTATATTACATTTTTAAAAATAAAAATATTAATAATAAAA 1231
          |||
Sbjct 6344 GTAAACAAAATATTGTCGAGTTATATTACATTTTTAAAAATAAAAATATTAATAATAAAA 6285

Query 1232 ATAATAATATATGCAAAAAAAAAAGATTTTTTAAAAAGATTTTAATTCGTCACAAAAACA 1291
          |||
Sbjct 6284 ATAATAATATATGCAAAAAAAAAAGATTTTTTAAAAAGATTTTAATTCGTCACAAAAACA 6225

Query 1292 CTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCCTGGATAAACTAAACCCCTAAATAAAAAC 1351
          |||
Sbjct 6224 CTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCCTGGATAAACTAAACCCCTAAATAAAAAC 6165

Query 1352 ATTAAACCATAATAGTATTTTTAAGATTAAATGTTTAGTGTTTAGTGTTTGGATTAG 1411
          |||
Sbjct 6164 ATTAAACCATAATAGTATTTTTAAGATTAAATGTTTAGTGTTTAGTGTTTGGATTAG 6105
  
```


Group 2

Query	1412	AAATTTAGGATTATCCAAGTGTTTATGATTATCCAAGGGTTTAGGGTTAGAATTTAGGG	1471
Sbjct	6104	AAATTTAGGATTATCCAAGTGTTTATGATTATCCAAGGGTTTAGGGTTAGAATTTAGGG	6045
Query	1472	TTTAGGGTTTAGAGTTTAAATTTATCCAAGGGTCTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTT	1531
Sbjct	6044	TTTAGGGTTTAGAGTTTAAATTTATCCAAGGGTCTATGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTT	5985
Query	1532	TAGGATTTAGGGTTTAGGGTTTGAATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAGTTTAAATTTATCC	1591
Sbjct	5984	TAGGATTTAGGGTTTAGGGTTTGAATTTAGGGTTTAGGGTTTAGAGTTTAAATTTATCC	5925
Query	1592	AAGGGTTTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTAAGGTTTAGTGT	1651
Sbjct	5924	AAGGGTTTAGGGTATACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGGTTAAGGTTTAGTGT	5865
Query	1652	TTTTTGACGATATTAATAATAGTTTCAAAAATTCATTTTTGTAAACGGCTATATTTTT	1711
Sbjct	5864	TTTTTGACGATATTAATAATAGTTTCAAAAATTCATTTTTGTAAACGGCTATATTTTT	5805
Query	1712	TTTTTATATTTATTTATTTTAAAAACATAATATAAAGTTGACAAATATTTCTTTCTTTT	1771
Sbjct	5804	TTTTTATATTTATTTATTTTAAAAACATAATATAAAGTTGACAAATATTTCTTTCTTTT	5745
Query	1772	TAAAAAAATATTAATTTATGAAATACCTGATTCCATTTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTT	1831
Sbjct	5744	TAAAAAAATATTAATTTATGAAATACCTGATTCCATTTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTT	5685
Query	1832	ACTCTAGGGGTGAACCTAAGGATAACTCTATTTTTTGGGGTGAATAGCACTATAGCGGA	1891
Sbjct	5684	ACTCTAGGGGTGAACCTAAGGATAACTCTATTTTTTGGGGTGAATAGCACTATAGCGGA	5625
Query	1892	TATCTTTTCAATAGATTATAAGCACGGCTCTACCTATGACTAATCAAGAACTTGGGATG	1951
Sbjct	5624	TATCTTTTCAATAGATTATAAGCACGGCTCTACCTATGACTAGTCAAGAACTTGGGATG	5565
Query	1952	ATTGGAAATCTGCAGGTGTACTCAATATGGGATTATATTGGTTCTAACAGTAGATATG	2011
Sbjct	5564	ATTGGAAATCTGCAGGTGTACTCAATATGGGATTATATTGGTTCTAACAGTAGATATG	5505
Query	2012	ATCCTTGAAATTAAGTTTATTAGATCAGTTTCATCGTGAAAGGTTAGGGTTTGTCAATT	2071
Sbjct	5504	ATCCTTGAAATTAAGTTTATTAGATCAGTTTCATCGTGAAAGGTTAGGGTTTGTCAATT	5445
Query	2072	TATTAACAAATTTGTCAATTTCAATTAACAAATTTTGTCAATTTATAACATGAAATTTATA	2131
Sbjct	5444	TATTAACAAATTTGTCAATTTCAATTAACAAATTTTGTCAATTTATAACATGAAATTTATA	5385
Query	2132	ACGAATGCACCTTGTGCTGCCAGATCCCAATTTGTCAATTTATTTTGGGAAAAAATGTAG	2191
Sbjct	5384	ACGAATGCACCTTGTGCTGCCAGATCCCAATTTGTCAATTTATTTTGGGAAAAAATGTAG	5325

Group 2

Query	2192	CATTTCTGAGTGTTTCTATTTTGGCAAAAACAAAAGTGTGAGATCAATTTGACCAA	2251
Sbjct	5324	CATTTCTGAGTGTTTCTATTTTGGCAAAAACAAAAGTGTGAGATCAATTTGACCAA	5265
Query	2252	AAAAAATGTAAGATTCACGTAGGTTTCCAAATTTATTAATTTACCCAACTATATTTAA	2311
Sbjct	5264	AAAAAATGTAAGATTCACGTAGGTTTCCAAATTTATTAATTTACCCAACTATATTTAA	5205
Query	2312	ATTAAATGTAGACAAATTTGTTTTCCTGCCATTTTGGCAAAAAATGAAGGATCTATGAAG	2371
Sbjct	5204	ATTAAATGTAGACAAATTTGTTTTCCTGCCATTTTGGCAAAAAATGAAGGATCTATGAAG	5145
Query	2372	GTTTCCAAGTTTATTAATTTACTCAGATTTATGATAATTATCCATAAATTTACATAATT	2431
Sbjct	5144	GTTTCCAAGTTTATTAATTTACTCAGATTTATGATAATTATCCATAAATTTACATAATT	5085
Query	2432	TTATGAATTTATCATTTATTTGGGTAGATTTTATAAATATGAAAGTTTCTTTTATGAGTCA	2491
Sbjct	5084	TTATGAATTTATCATTTATTTGGGTAGATTTTATAAATATGAAAGTTTCTTTTATGAGTCA	5025
Query	2492	AAATGTATAATTTATTTGGGTAACCTTCATAAATTTTAGAATTTACATCGATTTTATATTA	2551
Sbjct	5024	AAATGTATAATTTATTTGGGTAACCTTCATAAATTTTAGAATTTACATCGATTTTATATTA	4965
Query	2552	ATTCGTATAGATTTATGTTGACTTTTATATATGAAAAAATATGTATTTATTTAAAGTAGT	2611
Sbjct	4964	ATTCGTATAGATTTATGTTGACTTTTATATATGAAAAAATATGTATTTATTTAAAGTAGT	4905
Query	2612	TGCTCATATATGATTTTTAAATATTAATATGATCCAAAAGTTTAATGAATAAAGAAATGT	2671
Sbjct	4904	TGCTCATATATGATTTTTAAATATTAATATGATCCAAAAGTTTAATGAATAAAGAAATGT	4845
Query	2672	TTATGGAATTTACAAAAGTTAGTTGTTAAAAGTTAGTGGGAAAAAAATTTATTTTATAG	2731
Sbjct	4844	TTATGGAATTTACAAAAGTTAGTTGTTAAAAGTTAGTGGGAAAAAAATTTATTTTATAG	4785
Query	2732	GCAAAGTGGATTTTGGGTCCACGAAATTACTTTTCCAACCTTGCCAAGTTTAATAGGCAA	2791
Sbjct	4784	GCAAAGTGGATTTTGGGTCCACGAAATTACTTTTCCAACCTTGCCAAGTTTAATAGGCAA	4725
Query	2792	AAAGGTTAAAAATGTCATAAATTTATTCTCTCTCTACTAGGTTGCCCAATTGCCTAATAT	2851
Sbjct	4724	AAAGGTTAAAAATGTCATAAATTTATTCTCTCTCTACTAGGTTGCCCAATTGCCTAATAT	4665
Query	2852	AAACTTGAGGTGGCCTATTTTCTAATTCAAACCTTAAAGTTGCCCTTTCCCTAATTGA	2911
Sbjct	4664	AAATTTGAGGTGGCCTATTTTCTAATTCAAACCTTAAAGTTGCCCTTTCCCTAATTGA	4605
Query	2912	CCCATAAAAGAAATGAAAGACATTTTCTTTTCCAAATTACAATCCCTAGATAATTTTATT	2971
Sbjct	4604	CCCATAAAAGAAATGAAAGACATTTTCTTTTCCAAATTACAATCCCTAGATAATTTTATT	4545

Group 2

Query	2972	TTGTAGGTGCATTCCATCGGTTATGATTACAGAATAGCTACGCTTCTCTATTGATTCTTA	3031
Sbjct	4544	TTGTAGGTGCATTCCATCGGTTATGATTACAGAATAGCTACGCTTCTCTATTGATTCTTA	4485
Query	3032	TTGGCGCGTGGTGACGTTTCCATGGAATCAAGTAGTGTGTTTATCTCCTATCACTAACA	3091
Sbjct	4484	TTGGCGCGTGGTGACGTTTCCATGGAATCAAGTAGTGTGTTTATCTCCTATCACTAACA	4425
Query	3092	ACATAATTCATAGATTTTGTTTACACTGTTCTGTGTTCTCTGATCATATACTTGACTCAG	3151
Sbjct	4424	ACATAATTCATAGATTTTGTTTACACTGTTCTGTGTTCTCTGATCATATACTTGACTCAG	4365
Query	3152	TTTCTGTGATTTTCATCAAGTTTTTGAGAACAGAAGAAGCAAAAAGAAAACGAGCAGAGC	3211
Sbjct	4364	TTTCTGTGATTTTCATCAAGTTTTTGAGAACAGAAGAAGCAAAAAGAAAACGAGCAGAGC	4305
Query	3212	TGCTCTTACAATGTTTTAACCGTGAGTGATAAAATTTATTACATAAAAAGTATTTTAAAAA	3271
Sbjct	4304	TGCTCTTACAATGTTTTAACCGTGAGTGATAAAATTTATTACATAAAAAGTATTTTAAAAA	4245
Query	3272	TAGATTTAATCAACCAATTTAATATATTATTTATATTAGTTTATTTTTTTTACATC	3331
Sbjct	4244	TAGATTTAATCAACCAATTTAATATATTATTTATATTAGTTTATTTTTTTTACATC	4185
Query	3332	TTTTATATTAGTTTGAACACCTCTATTTGAGTACAACATAGATTATAATGATAAAATTT	3391
Sbjct	4184	TTTTATATTAGTTTGAACACCTCTATTTGAGTACAACATAGATTATAATGATAAAATTT	4125
Query	3392	ATAAAATAGCATAAATTTTTATTTTCATTGTTTTATGATAAAATTCATAAATAACATAAT	3451
Sbjct	4124	ATAAAATAGCATAAATTTTTATTTTCATTGTTTTATGATAAAATTCATAAATAACATAAT	4065
Query	3452	TATAATATTATATATTAATAATTGCAAAAATTAATTAATACATTATTTTATAATAAATA	3511
Sbjct	4064	TATAATATTATATATTAATAATTGCAAAAATTAATTAATACATTATTTTATAATAAATA	4005
Query	3512	TTTAAACGTTGGGTAGGATTTTGTAGATTTTTTCAACAAATTTTGTATAGCTAAAA	3571
Sbjct	4004	TTTAAACGTTGGGTAGGATTTTGTAGATTTTTTCAACAAATTTTGTATAGCTAAAA	3945
Query	3572	TAAAAATCAAATGTATGTTAAATTTGATTTTTTTTTTTTTTTGATTATTAAGATTAAATA	3631
Sbjct	3944	TAAAAATCAAATGTATGTTAAATTTGATTTTTTTTTTTTTTTGATTATTAAGATTAAATA	3885
Query	3632	TAAATAAACATATATGTCATATTAATATTTAACTAAGTGGTCCTAATCTTTGAACCTAGG	3691
Sbjct	3884	TAAATAAACATATATGTCATATTAATATTTAACTAAGTGGTCCTAATCTTTGAACCTAGG	3825
Query	3692	GGTGGGCGTTCGGGTACCTATTCGGGTTCGGTTCGAGTCTATTCGGGATTCGGATTTTT	3751
Sbjct	3824	GGTGGGCGTTCGGGTACCTATTCGGGTTCGGTTCGAGTCTATTCGGGATTCGGATTTTT	3765

Group 2

Query	3752	GGGGTCAAAGATTTTAGCCCCATTCGGTTATTCTAAATTACGGTTCGGGTCGGGTCGG	3811
Sbjct	3764	GGGGTCAAAGATTTTAGCCCCATTCGGTTATTCTAAATTACGGTTCGGGTCGGGTCGG	3705
Query	3812	ATCCTTCGGGATTCGGGTCGGGTCGGGATAACCCGTTTAAATTATTTTCAAATTTTAAA	3871
Sbjct	3704	ATCCTTCGGGATTCGGGTCGGGTCGGGATAACCCGTTTAAATTATTTTCAAATTTTAAA	3645
Query	3872	ATTCATTATATATTTTAACTTTTCGAAATTTGTAACAAAATAATATATTACATATAA	3931
Sbjct	3644	ATTCATTATATATTTTAACTTTTCGAAATTTGTAACAAAATAATATATTACATATAA	3585
Query	3932	ATTTCAATAATATGTGTCGAAGTACCAAACTTAACATGTAATTGGTTTGATTTGGGATA	3991
Sbjct	3584	ATTTCAATAATATGTGTCGAAGTACCAAACTTAACATGTAATTGGTTTGATTTGGGATA	3525
Query	3992	TTTGGATAGAAAAATCAATCATATTTTATATATTTTGGTGTTTGGAGTAGCTTTAACTA	4051
Sbjct	3524	TTTGGATAGAAAAATCAATCATATTTTATATATTTTGGTGTTTGGAGTAGCTTTAACTA	3465
Query	4052	TTTATACATGTACTTTTTAATGTTTTATATATTTCTAGTATTTTGAACAATTTAAAAG	4111
Sbjct	3464	TTTATACATGTACTTTTTAATGTTTTATATATTTCTAGTATTTTGAACAATTTAAAAG	3405
Query	4112	TATTATATATATTTTAGATGCTTTTTAATATATATTTCAATCTAAAAATAGTTAAATATAT	4171
Sbjct	3404	TATTATATATATTTTAGATGCTTTTTAATATATATTTCAATCTAAAAATAGTTAAATATAT	3345
Query	4172	ATGTATATTAATCTATTTCGGATACATTCGGATATCCAAAAATTTTGGTTCGGATCGGG	4231
Sbjct	3344	ATGTATATTAATCTATTTCGGATACATTCGGATATCCAAAAATTTTGGTTCGGATCGGG	3285
Query	4232	TTCGGTTTTGGTCTTTTAAATACCAAAAATTTAAACCTATTTCGGATATTCATTAATTTTC	4291
Sbjct	3284	TTCGGTTTTGGTCTTTTAAATACCAAAAATTTAAACCTATTTCGGATATTCATTAATTTTC	3225
Query	4292	GGTTCGGATTTGGTATTACTTTTGCAGATCGGATTCGGTTCGGTTCCTTTGGATTTCAGTTT	4351
Sbjct	3224	GGTTCGGATTTGGTATTACTTTTGCAGATCGGATTCGGTTCGGTTCCTTTGGATTTCAGTTT	3165
Query	4352	TTTTGTCAGCCCTACTCTGAACAGTAGATAAAAAATAGAACCCTAAATTAATAGGTTAG	4411
Sbjct	3164	TTTTGTCAGCCCTACTCTGAACAGTAGATAAAAAATAGAACCCTAAATTAATAGGTTAG	3105
Query	4412	ATTTTGGTTAGGTCTTTCTAATTAGTAGTGAGATTCTCGATTCTCTCATTCAGTGTG	4471
Sbjct	3104	ATTTTGGTTAGGTCTTTCTAATTAGTAGTGAGATTCTCGATTCTCTCATTCAGTGTG	3045
Query	4472	GTATGTCCAACTCATTTGTTTATGTACATATCCAATTTAGTTTTAGTCAAATGTTTAGTT	4531
Sbjct	3044	GTATGTCCAACTCATTTGTTTATGTACATATCCAATTTAGTTTTAGTCAAATGTTTAGTT	2985

Group 2

Query	5311	CGTCCCTTACCTTCTGTGGTTGATTCTCTGTAATGATGGGTGTGGTGGTGAAGTGGAA	5370
Sbjct	2204	CGTCCCTTACCTTCTGTGGTTGATTCTCTGTAATGATGGGTGTGGTGGTGAAGTGGAA	2145
Query	5371	CGCCCGGATCTTGTGATTTCTCTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTTCGATGTGAT	5430
Sbjct	2144	CGCCCGGATCTTGTGATTTCTCTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTTCGATGTGAT	2085
Query	5431	ATATACAGCTTCAATATTTCTGATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCTTTGCT	5490
Sbjct	2084	ATATACAGCTTCAATATTTCTGATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCTTTGCT	2025
Query	5491	TTGTCTACATTTGGTAAGATCACCAAGCTTGGACTCCACCCCTGATGTTGTTACCTTCACC	5550
Sbjct	2024	TTGTCTACATTTGGTAAGATCACCAAGCTTGGACTCCACCCCTGATGTTGTTACCTTCACC	1965
Query	5551	ACCTTGTCTCCATGGATTATGTGTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCAT	5610
Sbjct	1964	ACCTTGTCTCCATGGATTATGTGTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCAT	1905
Query	5611	CAAAATGTTTGAAACGACATGTAGGCCCAATGTCGTAACTTCACCACTTTGATGAACGGT	5670
Sbjct	1904	CAAAATGTTTGAAACGACATGTAGGCCCAATGTCGTAACTTCACCACTTTGATGAACGGT	1845
Query	5671	CTTTGCCCGCGAGGGTAGAATTGTCTGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGAT	5730
Sbjct	1844	CTTTGCCCGCGAGGGTAGAATTGTCTGAAGCCGTAGCTCTGCTTGATCGGATGATGGAAGAT	1785
Query	5731	GGTCTCCAGCCTACCCAGATTACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGA	5790
Sbjct	1784	GGTCTCCAGCCTACCCAGATTACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGA	1725
Query	5791	GATACTGTGCTGCACTGAATCTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATAACC	5850
Sbjct	1724	GATACTGTGCTGCACTGAATCTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATAACC	1665
Query	5851	AATGTTGTAATCTATAGTGCAATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGAT	5910
Sbjct	1664	AATGTTGTAATCTATAGTGCAATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTCATAGCGAT	1605
Query	5911	GCACAAAATCTTTTCACTGAAATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTATTATTACCTAC	5970
Sbjct	1604	GCACAAAATCTTTTCACTGAAATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTATTATTACCTAC	1545
Query	5971	AACAGTATGATAGTTGGTTTTGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTG	6030
Sbjct	1544	AACAGTATGATAGTTGGTTTTGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTG	1485
Query	6031	CAAGAAATGTTAGAAAGGAAGATCAGCCCTGATGTTGTAACTTATAATGCTTTGATCAAT	6090
Sbjct	1484	CAAGAAATGTTAGAAAGGAAGATCAGCCCTGATGTTGTAACTTATAATGCTTTGATCAAT	1425

Group 2

Query	6091	GCATTTGTCAAGGAAGGCAAGTTCCTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCA	6150
Sbjct	1424	GCATTTGTCAAGGAAGGCAAGTTCCTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCA	1365
Query	6151	AGGGGTATAATCCCTAATACAATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAACAG	6210
Sbjct	1364	AGGGGTATAATCCCTAATACAATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAACAG	1305
Query	6211	AATCGTCTTGATGCTGCTGAGCAGATGTTTTATTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCC	6270
Sbjct	1304	AATCGTCTTGATGCTGCTGAGCAGATGTTTTATTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCC	1245
Query	6271	AACCTAATCACTTTCAATCTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGAT	6330
Sbjct	1244	AACCTAATCACTTTCAATCTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGAT	1185
Query	6331	GGAATGGAACCTCTCCATGAGATGACTGAAACAGGATAGTTGCTGACACAACCTACTTAC	6390
Sbjct	1184	GGAATGGAACCTCTCCATGAGATGACTGAAACAGGATAGTTGCTGACACAACCTACTTAC	1125
Query	6391	AACACTCTTATTCACGGGTTCTATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTA	6450
Sbjct	1124	AACACTCTTATTCACGGGTTCTATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTCTAGACCTTTTA	1065
Query	6451	CAAGAGATGATCTCTAGTGGTTTGTGCCCTGATATCGTTACTTTGTGACACTTTGCTGGAT	6510
Sbjct	1064	CAAGAGATGATCTCTAGTGGTTTGTGCCCTGATATCGTTACTTTGTGACACTTTGCTGGAT	1005
Query	6511	GGTCTCTGCGATAATGGGAAACTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAG	6570
Sbjct	1004	GGTCTCTGCGATAATGGGAAACTAAAAGATGCATTGGAAATGTTTAAGGTTATGCAGAAG	945
Query	6571	AGTAAGAAGGATCTTGATGCTAGTACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAAC	6630
Sbjct	944	AGTAAGAAGGATCTTGATGCTAGTACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAAC	885
Query	6631	TACAATATATTGATCAGCGGCTTGATCAATGAAGGGAAGTTTTAGAGGCCGAGGAATTA	6690
Sbjct	884	TACAATATATTGATCAGCGGCTTGATCAATGAAGGGAAGTTTTAGAGGCCGAGGAATTA	825
Query	6691	TACGAGGAGATGCCCCACAGGGGTATAGTCCAGATACTATCACCTATAGTCTCAATGATC	6750
Sbjct	824	TACGAGGAGATGCCCCACAGGGGTATAGTCCAGATACTATCACCTATAGTCTCAATGATC	765
Query	6751	GATGGATTATGCAAGCAGAGCCGCTTAGATGAGGCTACACAAATGTTTATCGATGGGT	6810
Sbjct	764	GATGGATTATGCAAGCAGAGCCGCTTAGATGAGGCTACACAAATGTTTATCGATGGGT	705
Query	6811	AGCAAGAGGCTTCTCTCCAAACGTAGTGACCTTTACTACACTCATTAATGGCTACTGTAAG	6870
Sbjct	704	AGCAAGAGGCTTCTCTCCAAACGTAGTGACCTTTACTACACTCATTAATGGCTACTGTAAG	645

Group 2

```

Query 6871 GCAGGAAGGGTTGATGATGGGCTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCAAGAGGGATAGTT 6930
          |||
Sbjct 644 GCAGGAAGGGTTGATGATGGGCTGGAGCTTTTCTGCGAGATGGGTCAAGAGGGATAGTT 585
          |||

Query 6931 GCTAACGCAATTACTTACATCACTTTGATTGTGGTTTTTCGTAAGTGGGTAATATTAAT 6990
          |||
Sbjct 584 GCTAACGCAATTACTTACATCACTTTGATTGTGGTTTTTCGTAAGTGGGTAATATTAAT 525
          |||

Query 6991 GGGGCTCTAGACATTTTCCAGGAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACC 7050
          |||
Sbjct 524 GGGGCTCTAGACATTTTCCAGGAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACC 465
          |||

Query 7051 ATCCGCAATATGCTGACTGGTTTATGGAGTAAAGAGGAACAAAAAGGGCAGTGGCAATG 7110
          |||
Sbjct 464 ATCCGCAATATGCTGACTGGTTTATGGAGTAAAGAGGAACAAAAAGGGCAGTGGCAATG 405
          |||

Query 7111 CTTGAGAAACTGCAGATGAGTATGG 7135
          |||
Sbjct 404 CTTGAGAAACTGCAGATGAGTATGG 380
          |||

```

Score = 733 bits (381), Expect = 0.0
 Identities = 381/381 (100%), Gaps = 0/381 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 7261 GGATCTATCATTTGGGGGATGAATGATCAAAGATTTTCTTCTGTTTGC GCAGCAGAGCTT 7320
          |||
Sbjct 381 GGATCTATCATTTGGGGGATGAATGATCAAAGATTTTCTTCTGTTTGC GCAGCAGAGCTT 322
          |||

Query 7321 CAATGTCATTTTGTGTTTCTGCTGCTGATGTATACCCCTACTAATGTTTGAICAAATCGTTG 7380
          |||
Sbjct 321 CAATGTCATTTTGTGTTTCTGCTGCTGATGTATACCCCTACTAATGTTTGAICAAATCGTTG 262
          |||

Query 7381 AATAGAGTGATCATAGTGAAAAATTGTGTGGTTAGTAAGTTATTTTGTGCTATTCTAAT 7440
          |||
Sbjct 261 AATAGAGTGATCATAGTGAAAAATTGTGTGGTTAGTAAGTTATTTTGTGCTATTCTAAT 202
          |||

Query 7441 GACAGCCTTTTATGCGTCTATTGTCTGGGCTTAATAAAATTGACCATTCCAATTAAT 7500
          |||
Sbjct 201 GACAGCCTTTTATGCGTCTATTGTCTGGGCTTAATAAAATTGACCATTCCAATTAAT 142
          |||

Query 7501 CCATACACTTGTGTTTACGCAAGATTATTTGGTCTGAACTAAAGAGGCACACCTTCCAGAAG 7560
          |||
Sbjct 141 CCATACACTTGTGTTTACGCAAGATTATTTGGTCTGAACTAAAGAGGCACACCTTCCAGAAG 82
          |||

Query 7561 ATTTTCAGGTGTTAAAAAGATGTTTAGTGTCGCCCCGTTCTGTAGCTGTCACCATGGTTAT 7620
          |||
Sbjct 81 ATTTTCAGGTGTTAAAAAGATGTTTAGTGTCGCCCCGTTCTGTAGCTGTCACCATGGTTAT 22
          |||

Query 7621 CGTCAAGCTCGGTCTTCATGA 7641
          |||
Sbjct 21 CGTCAAGCTCGGTCTTCATGA 1
          |||

```


Group 2

Score = 285 bits (148), Expect = 3e-72
 Identities = 192/209 (91%), Gaps = 5/209 (2%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 642 ATATTTAAGATAAATGTAGACAAATTTGTTCTTCCCTACCATTTTGACAAAAAATGAAAGA 701
      |||
Sbjct 5212 ATATTAAATTAATGTAGACAAATTTGTT-TTCCTGCCATTTTGGCAAAAAATGAAGGA 5154
      |||

Query 702 TCTATGTAGGTTTCCCAAGTTTATTAAATTTACCCAGATTATGAAAAATATCCATAAAT 761
      |||
Sbjct 5153 TCTATGAAGGTTTCCCAAGTTTATTAAATTTACTCAGATTATGATAATTATCCATAAAT 5094
      |||

Query 762 TATATAATTTTATGAATAATTTATCATTATTTGGGTAAATTTTATAAATATGAAAGTTT 821
      |||
Sbjct 5093 TACATAATTTTATGA-----TTATCATTATTTGGGTAGATTTTATAAATATGAAAGTTT 5038
      |||

Query 822 CTTTTATGGGTCAAAATGTATAATTTATT 850
      |||
Sbjct 5037 CTTTTATGAGTCAAAATGTATAATTTATT 5009
      |||
  
```

Score = 144 bits (75), Expect = 5e-30
 Identities = 180/225 (80%), Gaps = 3/225 (1%)
 Strand=Plus/Plus

```

Query 1099 ACCCCTAGAGTAAACCTTAAGGTTTACC-AACCAATAGAAATCACTCATTTACAGTTGA 1157
      |||
Sbjct 5674 ACCCCTAGAGTGAACATTTAGGTTTACCCAACCAATAGGAATCAAGTATTTTATAATTAA 5733
      |||

Query 1158 TATCTTTTA-AAAAAGTAAACAAAAATATTGTCGAGTTATATTACATTTTAAAAATAAAAA 1216
      |||
Sbjct 5734 TATTTTTTTAAAAAGAAAGAAAAATATTGTCAAGTTATATTATGTTTAAAAATAAATA 5793
      |||

Query 1217 TATTAATAAATAAATAAATAATATATATGCAAAAAAAGATTTTAAAAAGATTTTAAT 1276
      |||
Sbjct 5794 AAATATAAAAAAATAAATAGCCGTACAAAAAATGAATTTTGAACATATTTTAAAT 5853
      |||

Query 1277 TTCGTCAACAAACACTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCT 1321
      |||
Sbjct 5854 ATCGTCAA-AAAACACTAAACCTTAAACCTAAATCCTAAACCT 5897
      |||
  
```

Score = 144 bits (75), Expect = 5e-30
 Identities = 180/225 (80%), Gaps = 3/225 (1%)
 Strand=Plus/Plus

```

Query 1619 AGGGTTTAGGATTTAGGGTTTAAAGGTTTAGTGTGTTT-TTGACGATATTAATAATAGTTTT 1677
      |||
Sbjct 6195 AGGGTTTAGGATTTAGGTTTAGGTTTAGTGTGTTTGTGACGAAATTAATAATCTTTTTA 6254
      |||
  
```

Group 2

```

Query 1678 CAAAAATTCATTTTTGTAAACGGCTATTATTTTTTTTTATATTTATTTATTTAAAAA 1737
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 6255 AAAAAATCTTTTTTTTGCATATATTATATTTTATTTTAAATATTTATTTAAAAA 6314
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

Query 1738 CATAATATAACTTGACAAATATTTCTCTTTCTTTTAAAAAAATATTAATTATGAAATAC 1797
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 6315 TGTAATATAACTCGACAAATATTTGTTACTTTTTT-TAAAAGATATCAACTGTGAAATGA 6373
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

Query 1798 TTGATTCCTATTGGTTGGGTGAACCTAAATGTTCACTCTAGGGGT 1842
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 6374 GTGATTTCTATTGGTT-GGTGAACCTTAAGGTTTACTCTAGGGGT 6417
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

```

Score = 69.9 bits (36), Expect = 2e-07
 Identities = 54/63 (85%), Gaps = 0/63 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 689 AAAAAATGAAAGATCTATGTAGGTTTCCAAGTTTATTAATTTACCCAGATTTATGAAAA 748
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 5263 AAAAAATGTAAGATTCACTAGGTTTCCAAATTTATTAATTTACCCAACTATTTAAAAA 5204
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

Query 749 TTA 751
      |||
Sbjct 5203 TTA 5201
      |||

```

Score = 64.1 bits (33), Expect = 1e-05
 Identities = 45/51 (88%), Gaps = 0/51 (0%)
 Strand=Plus/Plus

```

Query 1287 AAACACTAAACTCTAAACTCTAAATCCTAAACCCCTGGATAAATACTAAAC 1337
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 6035 AAACCCCTAAACCCCTAAATCTAAACCCCTAAACCCCTGGATAAATCATAAAC 6085
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

```

Score = 64.1 bits (33), Expect = 1e-05
 Identities = 45/51 (88%), Gaps = 0/51 (0%)
 Strand=Plus/Plus

```

Query 1431 GTTTATGATTTATCCAAGGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGTTT 1481
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 6179 GTTTAGTATTTATCCAAGGGTTTAGGATTTAGAGTTTAGAGTTTAGTGT 6229
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

```

Score = 62.2 bits (32), Expect = 4e-05
 Identities = 52/62 (83%), Gaps = 0/62 (0%)
 Strand=Plus/Minus

```

Query 565 TACCCAAGGGTTCCGGATTTAGGATTCAGGTTTAGAGTTTAGGATTTAGGTTTAGTGT 624
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Sbjct 6003 TACCCAAGGGTTTAGGGTTTAGGATTTAGGTTTAGGGTTTAGAATTTAGGGTTTAGGGT 5944
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

```


Group 2

- **SEQ 2 from 54-05A application (10/613,053) against SEQ 87 (nucleotides 167,079-173,669 with the intron at nucleotides 167,459-167,585 removed) from Brown Patent No. 2 (7,314,971)**

Score = 3969 bits (2064), Expect = 0.0
 Identities = 2064/2064 (100%), Gaps = 0/2064 (0%)
 Strand=Plus/Minus

Query	1	ATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTCTCTCTCTCTGCTGAGTCTGCGGCTAGA	60
Sbjct	2423	ATGTTGGCTAGGGTTTGTGGATTCAAGTGTCTCTCTCTCTGCTGAGTCTGCGGCTAGA	2364
Query	61	TTGTTCTGTACGAGATCGATTCTGTGATACTCTGGCCAAGGCAAGCGGAGAGAGTTGCGAA	120
Sbjct	2363	TTGTTCTGTACGAGATCGATTCTGTGATACTCTGGCCAAGGCAAGCGGAGAGAGTTGCGAA	2304
Query	121	GCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAGTGGGTTTCATGAAATCAAAGGTTTA	180
Sbjct	2303	GCAGGTTTTGGAGGAGAGAGTTTGAAGCTGCAAGTGGGTTTCATGAAATCAAAGGTTTA	2244
Query	181	GAGGATGCGATTGATTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCCTTTACCTTCTGTGGTT	240
Sbjct	2243	GAGGATGCGATTGATTGTTTCAGTGACATGCTTCGATCTCGTCCTTTACCTTCTGTGGTT	2184
Query	241	GATTTCTGTAATATGATGGGTGTGGTGGTGAGAAATGGAACGCCCGGATCTTGTGATTCT	300
Sbjct	2183	GATTTCTGTAATATGATGGGTGTGGTGGTGAGAAATGGAACGCCCGGATCTTGTGATTCT	2124
Query	301	CTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTCGATGTGATATATACAGCTTCAATATTCTG	360
Sbjct	2123	CTCTATCAGAAGATGGAAAGGAAACAGATTCGATGTGATATATACAGCTTCAATATTCTG	2064
Query	361	ATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCCTTGCTTTGTCTACATTGGTAAGATC	420
Sbjct	2063	ATAAAATGTTTCTGCAGCTGCTCTAAGCTCCCCCTTGCTTTGTCTACATTGGTAAGATC	2004
Query	421	ACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTACCACCCTGCTCCATGGATTATGT	480
Sbjct	2003	ACCAAGCTTGGACTCCACCCTGATGTTGTTACCTTACCACCCTGCTCCATGGATTATGT	1944
Query	481	GTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCATCAAATGTTTGAACGACATGT	540
Sbjct	1943	GTGGAAGATAGGGTTTCTGAAGCCTTGGATTTTTTTCATCAAATGTTTGAACGACATGT	1884
Query	541	AGGCCCAATGTCGTAACCTTACCACCTTGATGAACGGTCTTTGCCGCGAGGGTAGAATT	600
Sbjct	1883	AGGCCCAATGTCGTAACCTTACCACCTTGATGAACGGTCTTTGCCGCGAGGGTAGAATT	1824

Group 2

Query	601	GTCTGAAGCCGTAGCTCTGCTTGCATCGGATGATGGAAGATGGTCTCCAGCCTACCCAGATT	660
Sbjct	1823	GTCTGAAGCCGTAGCTCTGCTTGCATCGGATGATGGAAGATGGTCTCCAGCCTACCCAGATT	1764
Query	661	ACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTGTGTCTGCACATGAAT	720
Sbjct	1763	ACTTATGGAACAATCGTAGATGGGATGTGTAAGAAGGGAGATACTGTGTCTGCACATGAAT	1704
Query	721	CTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCAATGTTGTAATCTATAGTGCA	780
Sbjct	1703	CTGCTGAGGAAGATGGAGGAGGTGAGCCACATCATACCAATGTTGTAATCTATAGTGCA	1644
Query	781	ATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTATAGCGATGCACAAAATCTTTTCACTGAA	840
Sbjct	1643	ATCATTGATAGCCTTTGTAAAGACGGACGTATAGCGATGCACAAAATCTTTTCACTGAA	1584
Query	841	ATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTATTTACCTACAACAGTATGATAGTTGGTTTT	900
Sbjct	1583	ATGCAAGAGAAAGGAATCTTTCCCGATTATTTACCTACAACAGTATGATAGTTGGTTTT	1524
Query	901	TGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTGCAAGAAATGTTAGAAAGGAAG	960
Sbjct	1523	TGTAGCTCTGGTAGATGGAGCGACGCGGAGCAGTTGTTGCAAGAAATGTTAGAAAGGAAG	1464
Query	961	ATCAGCCCTGATGTTGTAACTTATAATGCTTTGATCAATGCATTGTCAAGGAAGGCAAG	1020
Sbjct	1463	ATCAGCCCTGATGTTGTAACTTATAATGCTTTGATCAATGCATTGTCAAGGAAGGCAAG	1404
Query	1021	TTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTATAATCCCTAATACA	1080
Sbjct	1403	TTCTTTGAGGCTGAAGAATTATACGATGAGATGCTTCCAAGGGGTATAATCCCTAATACA	1344
Query	1081	ATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAAACAGAAATCGTCTTGATGCTGCTGAG	1140
Sbjct	1343	ATCACATATAGTTCAATGATCGATGGATTTTGCAAAACAGAAATCGTCTTGATGCTGCTGAG	1284
Query	1141	CACATGTTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAATCACTTTCAATACT	1200
Sbjct	1283	CACATGTTTTATTTGATGGCTACCAAGGGCTGCTCTCCCAACCTAATCACTTTCAATACT	1224
Query	1201	CTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGGAACCTTCTCCATGAG	1260
Sbjct	1223	CTCATAGACGGATATTGTGGGGCTAAGAGGATAGATGATGGAATGGAACCTTCTCCATGAG	1164
Query	1261	ATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTACAACACTCTTATTACGGGGTTC	1320
Sbjct	1163	ATGACTGAAACAGGATTAGTTGCTGACACAACCTACTTACAACACTCTTATTACGGGGTTC	1104
Query	1321	TATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTTAGACCTTTTACAAGAGATGATCTCTAGTGGT	1380
Sbjct	1103	TATCTGGTGGGCGATCTTAATGCTGCTTAGACCTTTTACAAGAGATGATCTCTAGTGGT	1044

Group 2

Query	1381	TTGTGCCCTGATATCGTTACTTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCTGCGATAATGGGAAA	1440
Sbjct	1043	TTGTGCCCTGATATCGTTACTTTGTGACACTTTGCTGGATGGTCTCTGCGATAATGGGAAA	984
Query	1441	CTAAAGATGCATTGGAAATGTTAAGGTTATGCGAGAAGAGTAAGAAGGATCTTGATGCT	1500
Sbjct	983	CTAAAGATGCATTGGAAATGTTAAGGTTATGCGAGAAGAGTAAGAAGGATCTTGATGCT	924
Query	1501	AGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCTACAATATATTGATCAGCGGC	1560
Sbjct	923	AGTCACCCCTTCAATGGTGTGGAACCTGATGTTCAAACCTACAATATATTGATCAGCGGC	864
Query	1561	TTGATCAATGAAGGGAAGTTTTAGAGGCCGAGGAATTATACGAGGAGATGCCCCACAGG	1620
Sbjct	863	TTGATCAATGAAGGGAAGTTTTAGAGGCCGAGGAATTATACGAGGAGATGCCCCACAGG	804
Query	1621	GGTATAGTCCAGACTATCACCTATAGCTCAATGATCGATGGATTATGCAAGCAGAGC	1680
Sbjct	803	GGTATAGTCCAGACTATCACCTATAGCTCAATGATCGATGGATTATGCAAGCAGAGC	744
Query	1681	CGCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTCGATGGGTAGCAAGAGCTTCTCTCCAAAC	1740
Sbjct	743	CGCCTAGATGAGGCTACACAAATGTTTGATTCGATGGGTAGCAAGAGCTTCTCTCCAAAC	684
Query	1741	GTAGTGACCTTTACTACACTCATTAAATGGCTACTGTAAGGCAGGAAGGGTTGATGATGGG	1800
Sbjct	683	GTAGTGACCTTTACTACACTCATTAAATGGCTACTGTAAGGCAGGAAGGGTTGATGATGGG	624
Query	1801	CTGGAGCTTTCTGCGAGATGGGTGCAAGAGGGATAGTTGCTAACGCAATTACTTACATC	1860
Sbjct	623	CTGGAGCTTTCTGCGAGATGGGTGCAAGAGGGATAGTTGCTAACGCAATTACTTACATC	564
Query	1861	ACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAATGGGGCTCTAGACATTTTCCAG	1920
Sbjct	563	ACTTTGATTTGTGGTTTTTCGTAAAGTGGGTAATATTAATGGGGCTCTAGACATTTTCCAG	504
Query	1921	GAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACCATCCGCAATATGCTGACTGGT	1980
Sbjct	503	GAGATGATTTCAAGTGGTGTGTATCCTGATACCATTACCATCCGCAATATGCTGACTGGT	444
Query	1981	TTATGGAGTAAGAGGGAACATAAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGAAACTGCAGATGAGT	2040
Sbjct	443	TTATGGAGTAAGAGGGAACATAAAAGGGCAGTGGCAATGCTTGAGAAACTGCAGATGAGT	384
Query	2041	ATGGATCTATCATTTGGGGGATGA	2064
Sbjct	383	ATGGATCTATCATTTGGGGGATGA	360

Group 2

- **SEQ 3 from 54-05A application (10/613,053) against SEQ 179 from Brown Patent No. 2 (7,314,971)**

Score = 1380 bits (3573), Expect = 0.0

Identities = 687/687 (100%), Positives = 687/687 (100%), Gaps = 0/687 (0%)

Query	1	MLARVCGFKCSSSPAESAARLFCTRSIRDTLAKASGESCEAGFGGESLKLQSGFHEIKGL	60
Sbjct	1	MLARVCGFKCSSSPAESAARLFCTRSIRDTLAKASGESCEAGFGGESLKLQSGFHEIKGL	60
Query	61	EDAIDLFSMDLRSRPLPSVVDVFCCKLMGVVVRMERPDVLISLYQKMERKQIRCDIYSFNIL	120
Sbjct	61	EDAIDLFSMDLRSRPLPSVVDVFCCKLMGVVVRMERPDVLISLYQKMERKQIRCDIYSFNIL	120
Query	121	IKFCSCSKLPFALSTFGKITKGLGHPDVVTFITLLHGLCVEDRVSEALDFFHQMFETTC	180
Sbjct	121	IKFCSCSKLPFALSTFGKITKGLGHPDVVTFITLLHGLCVEDRVSEALDFFHQMFETTC	180
Query	181	RNVVTFITLLMNGLCREGRIVEAVALDRMMEDGLQPTQITYGTIVDGMCKKGDVTSALN	240
Sbjct	181	RNVVTFITLLMNGLCREGRIVEAVALDRMMEDGLQPTQITYGTIVDGMCKKGDVTSALN	240
Query	241	LLRKMEEVSHIIPNVVIYSAIIDSLCKDGRHSDAQNLFTEMQEKGIFFDLFTYNSMIVGF	300
Sbjct	241	LLRKMEEVSHIIPNVVIYSAIIDSLCKDGRHSDAQNLFTEMQEKGIFFDLFTYNSMIVGF	300
Query	301	CSSGRWSDAEQLLQEMLERKISPDVVVTYNALINAFVKEGKFFEAELYDEMLPRGIIIPNT	360
Sbjct	301	CSSGRWSDAEQLLQEMLERKISPDVVVTYNALINAFVKEGKFFEAELYDEMLPRGIIIPNT	360
Query	361	ITYSSMIDGFCQKQNRDLAAEHMFYLMATKGCSPLNITFNTLIDGYCGAKRIDGMEELLHE	420
Sbjct	361	ITYSSMIDGFCQKQNRDLAAEHMFYLMATKGCSPLNITFNTLIDGYCGAKRIDGMEELLHE	420
Query	421	MTETGLVADTTTYNTLIHGFIYLVGDLNAAIDLQEMISSGLCPDIVTCDTLLDGLCDNGK	480
Sbjct	421	MTETGLVADTTTYNTLIHGFIYLVGDLNAAIDLQEMISSGLCPDIVTCDTLLDGLCDNGK	480
Query	481	LKDALEMFKVMQSKKDLDAHPFNGVEPDVQTYNILISGLINEGKFLEAEELYEEMPHR	540
Sbjct	481	LKDALEMFKVMQSKKDLDAHPFNGVEPDVQTYNILISGLINEGKFLEAEELYEEMPHR	540
Query	541	GIVPDTITYSSMIDGLCKQSRLEATQMFDSMGSKSFSFNPVVFTTTLINGYCKAGRVDDG	600
Sbjct	541	GIVPDTITYSSMIDGLCKQSRLEATQMFDSMGSKSFSFNPVVFTTTLINGYCKAGRVDDG	600
Query	601	LELFCEMGRRGIVANAITYITLICGFRKVGNGINGALDIFOEMISSGVYPTITIRNMLTG	660
Sbjct	601	LELFCEMGRRGIVANAITYITLICGFRKVGNGINGALDIFOEMISSGVYPTITIRNMLTG	660

Group 2

Query	661	LWSKEELKRAVAMLEKLQMSMDLSFGG	687
		LWSKEELKRAVAMLEKLQMSMDLSFGG	
Sbjct	661	LWSKEELKRAVAMLEKLQMSMDLSFGG	687